

ABI PRISM®- Gen-Analysator 3100

Kurzanleitung für die Sequenzierung

© Copyright 2001, Applied Biosystems

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.

FOR LIMITED LICENSE INFORMATION, PLEASE SEE THE ABI PRISM® 3100 GENETIC ANALYZER USER'S MANUAL.

The ABI PRISM® 3100 Genetic Analyzer includes patented technology licensed from Hitachi, Ltd. as part of a strategic partnership between Applied Biosystems and Hitachi, Ltd., as well as patented technology of Applied Biosystems.

ABI PRISM and its design, Applied Biosystems, BioLIMS, GeneScan, Genotyper, and MicroAmp are registered trademarks of Applied Biosystems Corporation or its subsidiaries in the U.S. and certain other countries.

ABI, BigDye, Fatura, Hi-Di, POP, POP-4, and POP-6 are trademarks of Applied Biosystems Corporation or its subsidiaries in the U.S. and certain other countries.

AmpliTaq is a registered trademark of Roche Molecular Systems, Inc.

Microsoft, Windows, and Windows NT are registered trademarks of the Microsoft Corporation in the United States and other countries.

Oracle is a registered trademark of the Oracle Corporation.

pGEM is a registered trademark of Promega Corporation.

All other trademarks are the sole property of their respective owners.

Applied Biosystems vast distribution and service network, composed of highly trained support and applications personnel, reaches into 150 countries on six continents. For international office locations, please call our local office or refer to our web site at www.appliedbiosystems.com.

Applied Biosystems is committed to providing the world's leading technology and information for life scientists. Applied Biosystems Corporation consists of the Applied Biosystems and Celera Genomics businesses.

Inhalt

1 Einführung

Überblick	1-1
Zu dieser Anleitung	1-2
Weitere Informationen	1-2
Technische Unterstützung	1-3
Sicherheit	1-8

2 Durchführung eines Sequenzierungslaufs

Überblick	2-1
Vor Beginn	2-2
Starten der 3100 Data Collection-Software	2-3
Einrichtung der Software-Benutzeroptionen	2-5
Arbeiten mit Platteneinheiten	2-8
Überprüfen und Auffüllen von Lösungen	2-10
Platzierung der Platte auf dem Autosampler	2-14
Erstellung eines Plate Records	2-15
Verknüpfung von Platten	2-21
Starten und Überwachen des Laufs	2-24
Stoppen eines Laufs und Wiederherstellung der Daten	2-25
Anzeigen, Bearbeiten oder Erstellen von Laufmodulen	2-26
Anzeigen und Bearbeitung eines Analysemoduls	2-28

3 Anzeigen und Analysieren von Daten

Überblick	3-1
Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs in der Data Collection-Software	3-2
Anzeigen von analysierten Daten	3-5
Analysieren bzw. Re-Analysieren von Daten	3-11

4 Spatial- und Spectral-Kalibrierung

Überblick	4-1
Durchführen einer Spatial-(Abstand-)Kalibrierung	4-2
SpectralDurchführung einer Spectral-(Spektrum-)Kalibrierung	4-6

5 Gerätewartung

Überblick	5-1
Wartungspläne	5-2
Beseitigung von Luftblasen aus dem oberen Polymerblock	5-4
Überprüfen der verfügbaren Speicherkapazität	5-5
Reinigung und Inspektion der Spritzen	5-7
Ausbau der Polymerblöcke	5-9
Reinigung der Polymerblöcke	5-10
Laden von frischem Polymer in das Gerät	5-11
Vor der Installation eines zuvor verwendeten Kapillaren-Arrays	5-12
Installation und Ausbau des Kapillaren-Arrays	5-13
Aufbewahrung der Kapillaren-Arrays	5-14
Stilllegen des Geräts	5-15

Index

Einführung

1

Überblick

In diesem Kapitel Dieses Kapitel befaßt sich mit folgenden Themen:

Thema	Siehe Seite
Zu dieser Anleitung	1-2
Weitere Informationen	1-2
Technische Unterstützung	1-3
Sicherheit	1-8

Zu dieser Anleitung

Zweck	Zweck dieses Handbuchs ist die Bereitstellung grundlegender Benutzeranweisungen für: ♦ die Durchführung eines Sequenzierungslaufs ♦ die Analyse der sich ergebenden Daten ♦ die Durchführung der Kalibrierung und routinemäßiger Wartungsarbeiten am ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100
--------------	---

Weitere Informationen

Quellen für weitere Informationen Weitere Anleitungen und Leitfäden zum Gen-Analysator 3100:

Angaben zu...	enthalten folgenden Quellen:	Bestell-Nr.
Sicherheitsinformationen oder Informationen bezüglich der Vorbereitung des Labors für den Gen-Analysator 3100	<i>Leitfaden für Standortvorbereitung und Sicherheit für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100</i>	4324534
Detaillierte Informationen zum Gen-Analysator 3100	<i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100</i>	4315834
Angaben zur Probenvorbereitung und zur Auswahl und Optimierung chemischer Methoden für die Sequenzierung am Gen-Analysator 3100	<i>Methodenleitfaden für die Sequenzierung des ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100</i>	4315831
detaillierte Informationen zur Analyse und Anzeige von Sequenzdaten mit Hilfe des DNA-Sequenzanalyseprogramms	<i>Bedienungsanleitung für die ABI PRISM-DNA-Sequenzanalyse-Software, v. 3.7</i>	4308924
Abgekürztes Verfahren für die Durchführung einer typischen Fragmentanalyse, Anzeige und Analyse der Laufdaten und Durchführung üblicher Wartungsmaßnahmen	<i>Kurzanleitung für die Fragmentanalyse für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100</i>	431532

Technische Unterstützung

Kontaktaufnahme mit der technischen Unterstützung

Die technische Unterstützung von Applied Biosystems ist telefonisch, per Fax, per E-Mail oder im Internet erreichbar. Applied Biosystems-Anwenderunterlagen, Sicherheitsdatenblätter, Analysenzertifikate und sonstige relevante Unterlagen können Sie rund um die Uhr anfordern. Außerdem können Sie von der Applied Biosystems-Website Unterlagen im PDF-Format herunterladen (siehe im Folgenden den Abschnitt „Anfordern von Unterlagen“ im Anschluss an die Rufnummern).

Kontaktaufnahme mit der technischen Unterstützung per E-Mail

Die technische Unterstützung bietet auf E-Mail-Anfrage Unterstützung für die folgenden Produktbereiche:

Produktbereich	E-Mail-Adresse
Gen-Analyse (DNA-Sequenzierung)	galab@appliedbiosystems.com
Sequence Detection Systems (qPCR) und PCR	pcrlab@appliedbiosystems.com
Proteinsequenzierung, Peptid- und DNA-Synthese	corelab@appliedbiosystems.com
Biochromatographie, PerSeptive-DNA-, -PNA- und Peptidsynthese-Systeme, Massenspektrometer CytoFluor®, FMAT™, Voyager™ und Mariner™	tsupport@appliedbiosystems.com
Applied Biosystems/MDS Sciex	support@sciex.com
Chemolumineszenz (Tropix)	tropix@appliedbiosystems.com

Anrufzeiten für die telefonische technische Unterstützung

In den USA und Kanada steht die technische Unterstützung zu folgenden Uhrzeiten zur Verfügung:

Produkt	Uhrzeiten
Chemolumineszenz	8:30 bis 17:30 Uhr Ostküsten-Zeit
Framingham-Unterstützung	8:00 bis 18:00 Uhr Ostküsten-Zeit
Alle sonstigen Produkte	5:30 bis 17:00 Uhr Pazifik-Zeit

Kontaktaufnahme mit der technischen Unterstützung per Telefon oder Fax

Innerhalb Nordamerikas

Die technische Unterstützung von Applied Biosystems ist über die folgenden Ruf- bzw. Faxnummern erreichbar. (Zum Anfordern von Kundendienst für anderweitige Hilfestellung oder in Notfällen: **1-800-831-6844** und **1** drücken.)

Produkt oder Produktbereich	Telefon Durchwahl...	Fax Durchwahl...
ABI PRISM®-DNA-Analysator 3700	1-800-831-6844 , anschließend 8 drücken.	1-650-638-5981
DNA-Synthese	1-800-831-6844 , anschließend 21 drücken.	1-650-638-5981

Produkt oder Produktbereich	Telefon Durchwahl...	Fax Durchwahl...
DNA-Fluoreszenz-Sequenzierung	1-800-831-6844 , anschließend 22 drücken.	1-650-638-5981
Fluoreszenz-Fragmentanalyse (einschl. GeneScan®-Anwendungen)	1-800-831-6844 , anschließend 23 drücken.	1-650-638-5981
Integrierte Thermozykler (ABI PRISM®-Geräte 877 und Catalyst 800)	1-800-831-6844 , anschließend 24 drücken.	1-650-638-5981
ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100	1-800-831-6844 , anschließend 26 drücken.	1-650-638-5981
BioInformatics (einschl. BioLIMS®, BioMerge®- und SQL GT®-Anwendungen)	1-800-831-6844 , anschließend 25 drücken.	1-505-982-7690
Peptidsynthese (Systeme 433 und 43X)	1-800-831-6844 , anschließend 31 drücken.	1-650-638-5981
Proteinsequenzierung (Procise®-Proteinsequenziersysteme)	1-800-831-6844 , anschließend 32 drücken.	1-650-638-5981
PCR und Sequence Detection Systems (qPCR)	1-800-762-4001 , anschließend 1 für PCR drücken, 2 für 7700 oder 5700, 6 für 6700 oder Durchwahl 1-800-831-6844 , anschließend 5 drücken.	1-240-453-4613
Voyager™ MALDI-TOF-Biospektrometrie- und Mariner™ ESI-TOF-Massenspektrometrie-Arbeitsstationen	1-800-899-5858 , anschließend 13 drücken.	1-508-383-7855
Biochromatographie (BioCAD®-Arbeitsstationen und Poros®-Perfusions-Chromatographieprodukte)	1-800-899-5858 , anschließend 14 drücken.	1-508-383-7855
Expedite™-Nukleinsäuresynthese-Systeme	1-800-899-5858 , anschließend 15 drücken.	1-508-383-7855
Peptidsynthese (Pioneer™- und 9050 Plus-Peptidsynthesysteme)	1-800-899-5858 , anschließend 15 drücken.	1-508-383-7855
PNA, Spezial und Synthese	1-800-899-5858 , anschließend 15 drücken.	1-508-383-7855
FMAT™ 8100 HTS-System und CytoFluor® 4000-Fluoreszenz-Plattenlesegerät	1-800-899-5858 , anschließend 16 drücken.	1-508-383-7855

Produkt oder Produktbereich	Telefon Durchwahl...	Fax Durchwahl...
Chemolumineszenz (Tropix)	1-800-542-2369 (nur USA), oder 1-781-271-0045	1-781-275-8581
Applied Biosystems/MDS Sciex	1-800-952-4716	1-508-383-7899

Außerhalb Nordamerikas

Region	Telefon Durchwahl...	Fax Durchwahl...
Afrika und Mittlerer Osten		
Afrika (Englisch sprechende Länder) und Westasien (Fairlands, Südafrika)	27 11 478 0411	27 11 478 0349
Südafrika (Johannesburg)	27 11 478 0411	27 11 478 0349
Mittlerer Osten und Nordafrika (Monza, Italien)	39 (0)39 8389 481	39 (0)39 8389 493
Ostasien, China, Ozeanien		
Australien (Scoresby, Victoria)	61 3 9730 8600	61 3 9730 8799
China (Peking)	86 10 64106608	86 10 64106617
Hongkong	852 2756 6928	852 2756 6968
Korea (Seoul)	82 2 593 6470/6471	82 2 593 6472
Malaysia (Petaling Jaya)	60 3 758 8268	60 3 754 9043
Singapur	65 896 2168	65 896 2147
Taiwan (Taipei Hsien)	886 2 22358 2838	886 2 2358 2839
Thailand (Bangkok)	66 2 719 6405	66 2 319 9788
Europa		
Belgien	32 (0)2 712 5555	32 (0)2 712 5516
Dänemark (Naerum)	45 45 58 60 00	45 45 58 60 01
Deutschland (Weiterstadt)	49 (0) 6150 101 0	49 (0) 6150 101 101
Finnland (Espoo)	358 (0)9 251 24 250	358 (0)9 251 24 243
Frankreich (Paris)	33 (0)1 69 59 85 85	33 (0)1 69 59 85 00
Italien (Mailand)	39 (0)39 83891	39 (0)39 838 9492
Niederlande (Nieuwerkerk a/d IJssel)	31 (0)180 331400	31 (0)180 331409
Norwegen (Oslo)	47 23 12 06 05	47 23 12 05 75
Österreich (Wien)	43 (0)1 867 35 75 0	43 (0)1 867 35 75 11
Polen, Lithauen, Lettland und Estland (Warschau)	48 (22) 866 40 10	48 (22) 866 40 20
Portugal (Lissabon)	351 (0)22 605 33 14	351 (0)22 605 33 15
Russland (Moskau)	7 095 935 8888	7 095 564 8787
Schweden (Stockholm)	46 (0)8 619 4400	46 (0)8 619 4401
Schweiz (Rotkreuz)	41 (0)41 799 7777	41 (0)41 790 0676
Spanien (Tres Cantos)	34 (0)91 806 1210	34 (0)91 806 1206
Südost-Europa (Zagreb, Kroatien)	385 1 34 91 927	385 1 34 91 840
Tschechische Republik und Slowakei (Prag)	420 2 61 222 164	420 2 61 222 168

Region	Telefon Durchwahl...	Fax Durchwahl...
Ungarn (Budapest)	36 (0)1 270 8398	36 (0)1 270 8288
Vereinigtes Königreich (Warrington, Cheshire)	44 (0)1925 825650	44 (0)1925 282502
Alle übrigen nicht aufgeführten Länder (Warrington, Verein. Königreich)	44 (0)1925 282481	44 (0)1925 282509
Japan		
Japan (Hacchobori, Chuo-Ku, Tokio)	81 3 5566 6230	81 3 5566 6507
Lateinamerika		
Del.A. Obregon, Mexiko	305-670-4350	305-670-4349

Kontaktaufnahme mit der technischen Unterstützung per Internet

Bei häufig auftretenden Fragen bzw. für weitere Produktinformationen ist ein Besuch unserer Website sehr zu empfehlen. Über die Website können auch technische Unterlagen bzw. ein Index der erhältlichen Unterlagen bestellt werden; diese werden sodann per Fax oder E-Mail bereitgestellt. Die Adresse für die Website von Applied Biosystems lautet:

<http://www.appliedbiosystems.com/techsupp>

Für technische Anfragen aus Nordamerika oder Europa:

Schritt	Maßnahme
1	Besuchen Sie die Website der technischen Unterstützung von Applied Biosystems.
2	Klicken Sie unter der Überschrift Troubleshooting (Fehlersuche und -behebung) auf Support Request Forms (Unterstützungsanforderungsformulare) und wählen Sie anschließend die zuständige Unterstützungsregion für den betreffenden Produktbereich.
3	Geben Sie die angeforderten Informationen sowie Ihre Frage in das erscheinende Formular ein und klicken Sie anschließend auf Ask Us RIGHT NOW (Fragen Sie uns JETZT SOFORT) (blaue Schaltfläche mit gelbem Text).
4	Geben Sie in das daraufhin erscheinende Formular die erforderlichen Informationen ein (sofern Sie dies nicht bereits getan haben) und klicken Sie anschließend auf Ask Us RIGHT NOW (Fragen Sie uns JETZT SOFORT). Einer unserer technischen Experten wird Ihre Frage innerhalb von 24 bis 48 Stunden per E-Mail beantworten.

Anfordern von Unterlagen

Per Fax, E-Mail oder Website-Download sind rund um die Uhr und kostenlos technische Unterlagen von Applied Biosystems erhältlich, darunter auch Sicherheitsdatenblätter.

Zum Anfordern von Unterlagen...	folgendermaßen vorgehen:
nach Indexnummer	a. Besuchen Sie die Website der technischen Unterstützung von Applied Biosystems unter http://www.appliedbiosystems.com/techsupp b. Klicken Sie auf das Link Index für den gewünschten Unterlagentyp, suchen Sie anschließend die gewünschte Unterlage heraus und notieren Sie sich deren Indexnummer. c. Verwenden Sie diese Indexnummer zum Anfordern von Unterlagen auf eine der im Folgenden beschriebenen Weisen.
Telefonisch — mit Fax-Zustellung	a. Durchwahl innerhalb der USA oder Kanadas: 1-800-487-6809, bzw. Durchwahl außerhalb der USA oder Kanadas: 1-858-712-0317. b. Befolgen Sie die gesprochenen Anweisungen für die Anforderung der gewünschten Unterlagen. Hinweis Pro Anfrage können fünf Unterlagen bezogen werden.
Per Internet — mit Fax- oder E-Mail-Zustellung	a. Besuchen Sie die Website der technischen Unterstützung von Applied Biosystems unter http://www.appliedbiosystems.com/techsupp b. Klicken Sie unter Resource Libraries (Referenz-Bibliotheken) auf den gewünschten Unterlagentyp. c. Geben Sie die angeforderten Informationen in das erscheinende Formular ein oder heben Sie diese hervor und klicken Sie anschließend auf Search (Durchsuchen). d. Markieren Sie in den daraufhin erscheinenden Suchergebnissen jeweils das Kontrollkästchen für die Zustellmethode der von Ihnen gewünschten Unterlage und klicken Sie anschließend auf Deliver Selected Documents Now (Gewählte Unterlagen jetzt zustellen) oder klicken Sie auf das PDF-Symbol der Unterlage, um diese sofort herunterzuladen. e. Füllen Sie das Informationsformular aus (sofern Sie dies nicht bereits getan haben) und klicken Sie anschließend auf Deliver Selected Documents Now (Gewählte Unterlagen jetzt zustellen), um Ihre Bestellung abzusenden. Hinweis Während per Fax nur fünf Unterlagen zugestellt werden können, ist die Zahl der per E-Mail zustellbaren Unterlagen unbegrenzt.

Sicherheit

Benutzerhinweise in den Anwenderunterlagen

Im Text sämtlicher Anwenderunterlagen von Applied Biosystems treten fünf Benutzerhinweise auf. Jeder Begriff schreibt einen bestimmten Beachtungs- oder Handlungsgrad vor:

Hinweis Weist auf hilfreiche Informationen hin.

WICHTIG Weist auf Informationen hin, die für den korrekten Gerätebetrieb erforderlich sind.

⚠ VORSICHT Weist auf eine potentielle Gefahrensituation hin, die bei Missachtung für den Anwender zu kleineren bis mittelschweren Verletzungen führen kann. Kann außerdem vor gefährlichen Praktiken warnen.

⚠ WARNUNG Weist auf eine potentielle Gefahrensituation hin, die bei Missachtung lebensgefährlich sein oder zu schweren Verletzungen führen könnte.

⚠ GEFAHR Weist auf eine potentielle Gefahrensituation hin, die bei Missachtung lebensgefährlich ist oder zu schweren Verletzungen führt. Dieser Gefahrenhinweis wird nur für die schärfsten Gefahrensituationen verwendet.

Warnungen bezüglich chemischer Gefährdung

⚠ WARNUNG CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. Einige der mit den Geräten von Applied Biosystems verwendeten Chemikalien sind potentielle Gefahrstoffe und können zu Verletzungen, Erkrankungen oder zum Tod führen.

- ♦ Vor Lagerung, Handhabung oder Arbeiten mit Chemikalien oder Gefahrstoffen sind die vom Chemikalienhersteller bereitgestellten Sicherheitsdatenblätter einzusehen und zu verinnerlichen.
- ♦ Den Kontakt mit Chemikalien bzw. deren Einatmung möglichst gering halten. Bei der Handhabung von Chemikalien entsprechende Personenschutz-ausrüstung tragen (wie z.B. Schutzbrille, Handschuhe oder Schutzbekleidung). Weitere Sicherheitsrichtlinien enthält das entsprechende Sicherheitsdatenblatt.
- ♦ Chemikalienbehälter nicht offen stehen lassen. Nur bei ausreichender Lüftung verwenden.
- ♦ In regelmäßigen Abständen auf Chemikalienlecks oder -verschüttungen überprüfen. Bei Lecks oder Verschüttungen die vom Hersteller im entsprechenden Sicherheitsdatenblatt empfohlenen Reinigungsmaßnahmen durchführen.
- ♦ Bezüglich der Lagerung, Handhabung und Entsorgung von Chemikalien sind sämtliche lokalen, landesweiten/regionalen bzw. nationalen Gesetze und Auflagen einzuhalten.

Warnungen bezüglich gefährlicher Chemikalienabfälle

⚠ WARNUNG GEFÄHRLICHE CHEMIKALIENABFÄLLE. Die Abfallprodukte der Geräte von Applied Biosystems sind potentielle Gefahrstoffe und können zu Verletzungen, Erkrankungen oder zum Tod führen.

- ♦ Vor der Lagerung, Handhabung oder Entsorgung von Chemikalienabfällen sind die vom Chemikalienhersteller bereitgestellten Sicherheitsdatenblätter einzusehen und zu verinnerlichen.
- ♦ Chemikalienabfälle unter einer Abzugshaube handhaben.

- ♦ Den Kontakt mit Chemikalienabfällen bzw. deren Einatmung möglichst gering halten. Bei der Handhabung von Chemikalien entsprechende Personenschutzrüstung tragen (wie z.B. Schutzbrille, Handschuhe oder Schutzbekleidung).
- ♦ Den Abfallbehälter nach dem Leeren mit der bereitgestellten Kappe verschließen.
- ♦ Den Inhalt der Abfallschale gemäß den Regeln der Guten Laborpraxis (GLP) sowie der lokalen, landesweiten/regionalen bzw. nationalen Umweltschutz- bzw. Gesundheitsschutzauflagen entsorgen.

Leitfaden für Standortvorbereitung und Sicherheit

Ein Leitfaden für Standortvorbereitung und Sicherheit wird allen Kunden, die ein Gerät von Applied Biosystems erworben haben, als separate Unterlage zugesandt. Bezüglich Angaben zur Standortvorbereitung, Gerätesicherheit, chemischen Sicherheit und Geräteabfallprodukten den schriftlichen Leitfaden für das betreffende Gerät einsehen.

Zu Sicherheitsdatenblättern (MSDS)

Einige der an diesem Gerät verwendeten Chemikalien sind u.U. von deren Herstellern als Gefahrstoffe ausgewiesen. Die Kennzeichnung aller Chemikalien enthält bei Vorliegen einer Gefährdung deutliche Warnhinweise.

Chemikalienhersteller liefern neuen Kunden bzw. bei der ersten Lieferung nach Aktualisierung des betreffenden Sicherheitsdatenblatts vor oder mit den gefährlichen Chemikalien ein aktuelles Sicherheitsdatenblatt. Sicherheitsdatenblätter enthalten die erforderlichen Sicherheitsangaben für die sichere Lagerung, Handhabung, Beförderung und Entsorgung der betreffenden Chemikalie.

Wir empfehlen eindringlich, bei jedem Erhalt eines neuen Sicherheitsdatenblatts im Zuge einer Lieferung gefährlicher Chemikalien das betreffende Sicherheitsdatenblatt in der Ablage zu ersetzen.

⚠️ WARNUNG CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. Vor dem Einsatz von Reagenzien bzw. Lösemitteln sollte sich der Anwender mit dem entsprechenden Sicherheitsdatenblatt vertraut machen.

**Bestellung von
Sicherheitsdaten-
blättern**

Kostenlose zusätzliche Sicherheitsdatenblatt-Exemplare für die von Applied Biosystems hergestellten oder vertriebenen Chemikalien sind folgendermaßen erhältlich:

Zum Bestellen von Sicherheitsdatenblättern...	folgendermaßen vorgehen:						
per Internet	a. Besuchen Sie unsere Website unter www.appliedbiosystems.com/techsupport. b. Klicken Sie auf MSDSs (Sicherheitsdatenblätter). <table border="1"> <tr> <th>Bei Vorliegen...</th><th>folgendermaßen vorgehen:</th></tr> <tr> <td>der Dokumentnummer des Sicherheitsdatenblatts (MSDS) oder der Indexnummer für die Funktion Anfordern von Unterlagen (Documents on Demand)</td><td>Geben Sie eine dieser Nummern in das entsprechende Feld dieser Seite ein.</td></tr> <tr> <td>der Bestell-Nr. des Produkts Schlüsselwort(e)</td><td>Wählen Sie Click Here (Hier anklicken) und geben Sie dann die Bestell-Nr. bzw. das (die) Schlüsselwort(e) in das entsprechende Feld dieser Seite ein.</td></tr> </table> c. Sie können (mit Hilfe von Adobe® Acrobat® Reader™) eine PDF-Datei der Unterlage öffnen und herunterladen, indem Sie diese auswählen, oder Sie können sich die Unterlage per Fax oder E-Mail zustellen lassen.	Bei Vorliegen...	folgendermaßen vorgehen:	der Dokumentnummer des Sicherheitsdatenblatts (MSDS) oder der Indexnummer für die Funktion Anfordern von Unterlagen (Documents on Demand)	Geben Sie eine dieser Nummern in das entsprechende Feld dieser Seite ein.	der Bestell-Nr. des Produkts Schlüsselwort(e)	Wählen Sie Click Here (Hier anklicken) und geben Sie dann die Bestell-Nr. bzw. das (die) Schlüsselwort(e) in das entsprechende Feld dieser Seite ein.
Bei Vorliegen...	folgendermaßen vorgehen:						
der Dokumentnummer des Sicherheitsdatenblatts (MSDS) oder der Indexnummer für die Funktion Anfordern von Unterlagen (Documents on Demand)	Geben Sie eine dieser Nummern in das entsprechende Feld dieser Seite ein.						
der Bestell-Nr. des Produkts Schlüsselwort(e)	Wählen Sie Click Here (Hier anklicken) und geben Sie dann die Bestell-Nr. bzw. das (die) Schlüsselwort(e) in das entsprechende Feld dieser Seite ein.						
per automatischem Telefondienst	Gemäß „Anfordern von Unterlagen“ unter „Technische Unterstützung“.						
telefonisch innerhalb der USA	Wählen Sie 1-800-327-3002 und drücken Sie anschließend 1 .						
telefonisch von Kanada aus	<table border="1"> <tr> <th>Für Bestellaufgabe auf...</th><th>1-800-668-6913 wählen und...</th></tr> <tr> <td>Englisch</td><td>1 drücken und anschließend 2 und anschließend nochmals 1</td></tr> <tr> <td>Französisch</td><td>2 drücken und anschließend 2 und anschließend 1</td></tr> </table>	Für Bestellaufgabe auf...	1-800-668-6913 wählen und...	Englisch	1 drücken und anschließend 2 und anschließend nochmals 1	Französisch	2 drücken und anschließend 2 und anschließend 1
Für Bestellaufgabe auf...	1-800-668-6913 wählen und...						
Englisch	1 drücken und anschließend 2 und anschließend nochmals 1						
Französisch	2 drücken und anschließend 2 und anschließend 1						
Telefonisch von einem anderen Land aus	Siehe die betreffende Region unter „Kontaktaufnahme mit der technischen Unterstützung per Telefon oder Fax“ unter „Technische Unterstützung“.						

Bezüglich nicht von Applied Biosystems hergestellter oder vertriebener Chemikalien den Chemikalienhersteller kontaktieren.

Sicherheitsaufkleber am Gerät

Am Gerät sind Sicherheitsaufkleber angebracht. Jeder Sicherheitsaufkleber umfaßt drei Bereiche:

- ♦ Ein Gefahrenhinweisbereich für einen bestimmten Beachtungs- oder Handlungsgrad (z.B. VORSICHT oder WARNUNG). Bei Vorliegen mehrerer Gefahrenquellen wird der Gefahrenhinweis für die größere Gefährdung verwendet.
- ♦ Ein Meldungsbereich mit einer Erläuterung der Gefahrenquelle und der eventuell erforderlichen Benutzermaßnahmen.
- ♦ Ein Sicherheitswarnsymbol, das auf eine potentielle Personengefährdung hinweist. Eine Erläuterung sämtlicher Sicherheitswarnsymbole in mehreren Sprachen enthält der *Leitfaden für Standortvorbereitung und Sicherheit für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100*.

Zur Abfallbeseitigung

Der Erzeuger potentiell gefährlicher Abfallprodukte trägt die Verantwortung für Folgendes:

- ♦ Die Beurteilung des bei den jeweiligen Anwendungen, Reagenzien und Substraten des Labors anfallenden Abfalls (ggf. per Analyse).
- ♦ Die Sicherstellung der Gesundheit und Sicherheit sämtlichen Laborpersonals.
- ♦ Die Sicherstellung der Einhaltung aller lokalen, landesweiten/regionalen bzw. nationalen Auflagen bei Lagerung, Überführung, Transport und Entsorgung von Geräteabfällen.

Hinweis Radioaktive bzw. biogefährliche Stoffe erfordern u.U. spezielle Handhabungsmaßnahmen und es gelten evtl. Entsorgungseinschränkungen.

Vor der Inbetriebnahme des Geräts

Sicherstellen, dass alle mit dem Gerätebetrieb betrauten Personen

- ♦ über die allgemeinen Laborsicherheitsmaßnahmen unterrichtet sind.
- ♦ über die gerätespezifischen Sicherheitsmaßnahmen unterrichtet sind.
- ♦ alle relevanten Sicherheitsdatenblätter gelesen und verinnerlicht haben.

⚠ VORSICHT Dieses Gerät sollte nur gemäß der Angaben von Applied Biosystems eingesetzt werden. Das Gerät wurde im Hinblick auf Benutzersicherheit konstruiert, jedoch kann diese bei unsachgemäßem Einsatz nicht gewährleistet werden.

Sicherer und effektiver Einsatz des Computers

Bei korrekter Bedienung des Computer werden Stressbelastungen, wie Ermüdung, Schmerzen und Überanstrengung vermieden.

Um derartige Belastungen von Rücken, Beinen, Augen und oberen Extremitäten (Hals, Schultern, Armen, Handgelenken, Händen und Fingern) möglichst gering zu halten, sollte die Arbeitsstation für eine neutrale oder entspannte Arbeitshaltung ausgelegt werden. Darunter fallen auch Arbeitsplatzbedingungen, wie korrekt eingestellte Heizung, Klimaanlage, Lüftung und Beleuchtung. Siehe hierzu die folgenden Richtlinien:

⚠ VORSICHT GEFÄHRDUNG DER SKELETTMUSKULATUR UND RISIKEN WIEDERHOLTER BEWEGUNGSABLÄUFE. Diese Gefährdungen werden u.a. durch die folgenden potentiellen Risikofaktoren verursacht: ständig wiederholte Bewegungsabläufe, unbequeme Haltung, Überanstrengung, Beibehaltung ungesunder Haltung, Kontaktdruck und sonstige Arbeitsplatzfaktoren.

- ♦ Es sollte eine Sitzposition gewählt werden, die in optimaler Weise Bequemlichkeit, Tastaturzugriff und Eliminierung von ermüdenden Stressbelastungen kombiniert.
 - Der Großteil des Körpergewichts sollte vom Gesäß getragen werden, und nicht von den Oberschenkeln.
 - Die Füße sollten flach auf dem Boden ruhen, und das Gewicht der Beine sollte vom Fußboden und nicht von den Oberschenkeln getragen werden.
 - Zur Erhaltung der korrekten konkaven Wirbelsäulenkrümmung sollte eine Rückenstütze verfügbar sein.
 - ♦ Die Tastatur auf einer Fläche mit folgenden Attributen platzieren:
 - Korrekte Höhe für waagrechte Haltung der Unterarme und senkrechte Haltung der Oberarme.
 - Stütze für Unterarme und Hände, um Ermüden der Oberarmmuskulatur zu verhüten.
 - ♦ Den Bildschirm in einer Höhe anordnen, die eine normale Körper- und Kopfhaltung zulässt. Diese Höhe ist abhängig von den jeweiligen Körperproportionen des Benutzers.
 - ♦ Die Anzeige im Hinblick auf optimale Bequemlichkeit und Effektivität einstellen:
 - Regulierung der Bildschirmeinstellungen, wie Helligkeit, Kontrast und Farbton, entsprechend der persönlichen Vorlieben sowie auch der Umgebungsbeleuchtung.
 - Platzierung des Bildschirms für minimale Reflektion von Umgebungslichtquellen.
 - Platzierung des Bildschirms in einem Abstand, der den individuellen Gegebenheiten des Benutzers angepasst ist, wie z.B. Kurzsichtigkeit, Weitsichtigkeit, Stabsichtigkeit und Kontaktlinsen.
 - ♦ Bei der Ermittlung des Benutzerabstands vom Bildschirm sind folgende Richtlinien hilfreich:
 - Der Abstand zwischen den Augen des Benutzers und dem Bildschirm sollte ungefähr dem Abstand zwischen den Augen des Benutzers und der Tastatur entsprechen.
 - Die meisten Personen empfinden einen Leseabstand von etwa 50 cm am angenehmsten.
 - Die Fläche der Arbeitsstation sollte eine Tiefe von mindestens 91 cm aufweisen, so dass die Regulierung des Abstands möglich ist.
 - Den Bildschirmwinkel so regulieren, dass Reflektion und Gleissen minimiert sind, und für die Arbeitsstation nach Möglichkeit keine reflektierenden Flächen wählen.
 - ♦ Einen gut konstruierten, horizontal und vertikal verstellbaren Texthalter verwenden, so dass die einzusehenden Papierunterlagen im gleichen Sichtabstand angeordnet werden können, wie Bildschirm und Tastatur.
 - ♦ Drähte und Kabel von Benutzern und Passanten fern halten.
 - ♦ Eine Arbeitsstation wählen, deren Fläche groß genug ist, um andere Arbeiten zu ermöglichen, und die zur Beweglichkeit ausreichenden Beinspielraum bietet.
-

Stromschlag- Warnhinweise

⚠️ WARNUNG STROMSCHLAGEFAHR. Bei Arbeiten am Gerät bei aktiver Hochspannungsversorgung kann es zu starken Stromschlägen und damit zu Körperverletzungen oder Lebensgefahr kommen. Zur Vermeidung von Stromschlägen mindestens eine Minute vor den Arbeiten am Gerät die Stromversorgung ausschalten und das Netzkabel ziehen.

⚠️ WARNUNG STROMSCHLAGEFAHR. Um die Gefahr von Stromschlägen zu reduzieren, keine Abdeckungen entfernen, zu deren Demontage Werkzeuge erforderlich sind. Im Geräteinneren befinden sich keine vom Benutzer zu wartenden Komponenten. Reparaturarbeiten qualifiziertem Personal von Applied Biosystems überlassen.

Laser-Warnhinweis

⚠️ WARNUNG VERBRENNUNGSGEFAHR DURCH DEN LASER. Überhitzte Laser können bei Hautkontakt schwere Verbrennungen verursachen. Den Laser NICHT betreiben, wenn eine Kühlung durch den Laser-Kühlventilator nicht möglich ist. Stets Laser-Schutzbrille tragen.

Durchführung eines Sequenzierungslaufs

2

Überblick

In diesem Kapitel Dieses Kapitel befasst sich mit folgenden Themen:

Thema	Siehe Seite
Vor Beginn	2-2
Starten der 3100 Data Collection-Software	2-3
Einrichtung der Software-Benutzeroptionen	2-5
Arbeiten mit Platteneinheiten	2-8
Überprüfen und Auffüllen von Lösungen	2-10
Platzierung der Platte auf dem Autosampler	2-14
Erstellung eines Plate Records	2-15
Verknüpfung von Platten	2-21
Starten und Überwachen des Laufs	2-24
Stoppen eines Laufs und Wiederherstellung der Daten	2-25
Anzeigen, Bearbeiten oder Erstellen von Laufmodulen	2-26
Anzeigen und Bearbeitung eines Analysemoduls	2-28

Vor Beginn

-
- Voraussetzungen** Bei den in diesem Kapitel beschriebenen Verfahren wird Folgendes vorausgesetzt:
- ♦ Computer und Gerät sind korrekt konfiguriert.
 - ♦ Das Gerät wurde kalibriert: die Spatial- und Spectral-Kalibrierungen wurden erfolgreich durchgeführt. Ggf. Kapitel 4 dieser Anleitung einsehen.
 - ♦ Die Festplatte des Computers besitzt ausreichend freie Kapazität. Ggf. Kapitel 5 dieser Anleitung einsehen.
 - ♦ Die Proben wurden korrekt vorbereitet und resuspendiert. Angaben zur Probenvorbereitung enthält der *Methodenleitfaden für die Sequenzierung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100* (Bestell-Nr. 4315831).
-

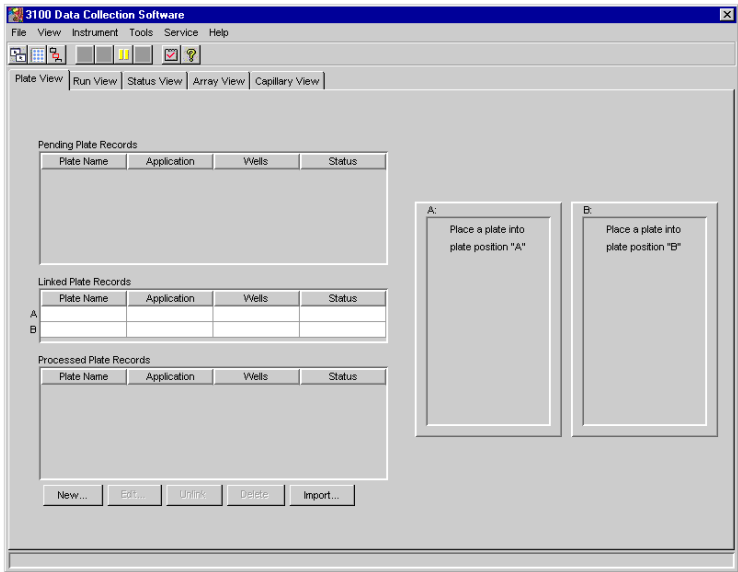
Starten der 3100 Data Collection-Software

Vor Beginn Vor dem Starten der Data Collection-Software:

Schritt	Maßnahme
1	Vergewissern Sie sich, dass Computer und Monitor eingeschaltet sind. WICHTIG Der Computer muss vor dem Gerät eingeschaltet werden. Der Vorgabe-Benutzername ist „3100User“; das Vorgabe-Kennwort wird leer belassen.
2	Vergewissern Sie sich, dass der ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100 eingeschaltet ist und die grüne Statuslampe konstant leuchtet (und nicht blinkt).
3	Vergewissern Sie sich, dass OrbixWeb Daemon läuft, d.h., dass die diesbezügliche Schaltfläche in der Task-Leiste von Windows NT erscheint.  Falls OrbixWeb Daemon nicht läuft, öffnen Sie das Start-Menü, zeigen Sie auf Applied Biosystems und wählen Sie OrbixWeb Daemon. Hinweis Gehen Sie zum Erstellen einer Verknüpfung folgendermaßen vor: (a) Machen Sie orbixd.exe im folgenden Verzeichnis ausfindig: D:\dbtools\liona\orbixweb3.2\bin. (b) Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Datei. (c) Klicken Sie auf Create Shortcut (Verknüpfung erstellen). Dadurch erstellen Sie eine Verknüpfung namens Shortcut to orbixd.exe (Verknüpfung zu orbixd.exe). (d) Ziehen Sie die Verknüpfung auf den Desktop. WICHTIG Die 3100 Data Collection-Software kann erst nach dem Starten von OrbixWeb Daemon laufen.

Starten der Data Collection-Software

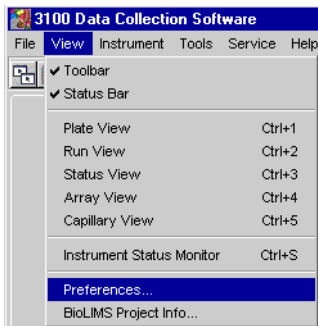
Zum Starten der Data Collection-Software folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Zeigen Sie im Start-Menü auf Applied Biosystems und wählen Sie 3100 Data Collection. Hinweis Gehen Sie zum Erstellen einer Verknüpfung folgendermaßen vor: (a) Navigieren Sie zur Datei 3100Collection.bat im Verzeichnis: D:\AppliedBio\3100\Bin. (b) Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Datei. (c) Klicken Sie auf Create Shortcut (Verknüpfung erstellen). Dadurch erstellen Sie eine Verknüpfung namens Shortcut to 3100 Collection-Software (Verknüpfung zu 3100 Collection-Software). (d) Ziehen Sie die Verknüpfung auf den Desktop. Die 3100 Data Collection-Software wird aufgerufen und es wird das folgende Fenster angezeigt: 

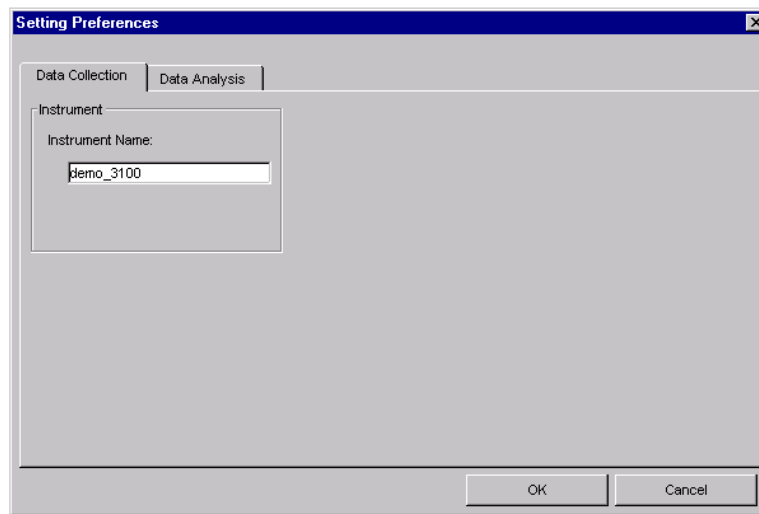
Einrichtung der Software-Benutzeroptionen

Einführung Die Benutzeroptionen der Data Collection-Software werden während der Geräteinstallation eingerichtet, können jedoch vom Benutzer über das Dialogfeld Setting Preferences (Benutzeroptionen einrichten) angezeigt bzw. geändert werden.

Anzeigen des Dialogfelds Zum Anzeigen des Dialogfelds Setting Preferences (Benutzeroptionen einrichten) folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Wählen Sie aus dem Menü View (Anzeigen) die Option Preferences (Benutzeroptionen) oder klicken Sie auf die Schaltfläche Preferences (Benutzeroptionen) in der Utensilienleiste.   Das Dialogfeld umfaßt die beiden im Folgenden vorgestellten Seiten.

Data Collection (Datenerfassung)



Benutzer- optionen	Beschreibung
Gerätename	In diesem Feld erscheint automatisch demo_3100 . Sie können jedoch stattdessen jeden beliebigen Namen eintragen (z.B. die Seriennummer des Geräts).

**Data Analysis
(Datenanalyse)**

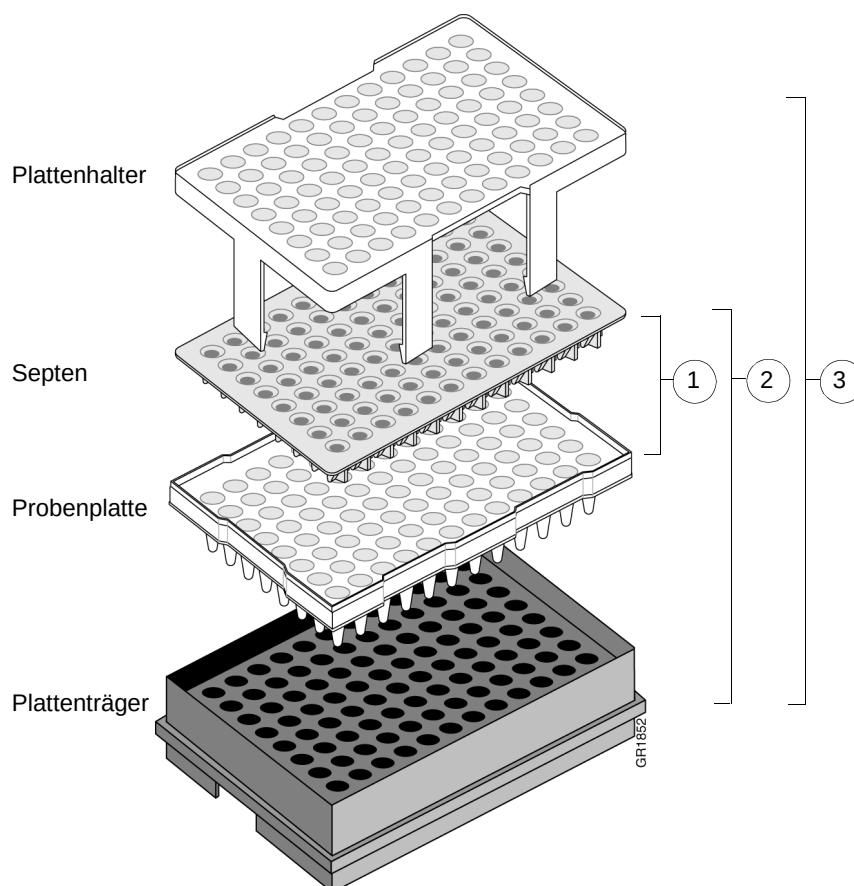
The screenshot shows a 'Setting Preferences' dialog box with two tabs: 'Data Collection' and 'Data Analysis'. The 'Data Analysis' tab is active. It contains three main sections: 'AutoAnalysis' with a checked 'AutoAnalysis On' checkbox; 'BioLIMS' with an unchecked 'Enable BioLIMS' checkbox and fields for 'User Name' (user), 'Password' (password), 'Database Name' (Biolims), and 'Server Name' (Server); and 'Sample File Name Prefix Format' with four dropdown menus showing 'Sample Name', 'Well Position', '<none>', and '<none>'. 'OK' and 'Cancel' buttons are at the bottom right.

Benutzeroptionen	Beschreibung														
AutoAnalysis (Auto-Analyse) aktiviert	Markieren Sie dieses Kontrollkästchen, wenn die Proben im Anschluss an den Lauf automatisch mit der Analyse-Software analysiert werden sollen. Hinweis Bei Wahl dieser Option können Sie Ihre Probendaten auch weiterhin re-analysieren.														
BioLIMS	Diese Einstellungen dienen zum Extrahieren von Daten in eine BioLIMS-Datenbank anstelle von Probendateien.														
Format von Probendateinamen	Bestimmen Sie das Format der Probendateinamen durch Auswahl der Namenszusätze aus den Dropdown-Listen. <table><tr><th>Namenszusatz</th><th>Herkunft</th></tr><tr><td>Lauf-ID</td><td>von der Data Collection-Software erstellt</td></tr><tr><td>Probenname</td><td>entspricht dem Eintrag im Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung)</td></tr><tr><td>Vertiefungs- position</td><td>entspricht der Position der Probe auf der Platte (Spaltenbuchstabe und Reihennummer, z.B. C3)</td></tr><tr><td>Plattenname</td><td>entspricht dem Eintrag im Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung)</td></tr><tr><td>Geräte-ID</td><td>entspricht dem Benutzeroptionen-Eintrag in der Seite Data Collection (Datenerfassung)</td></tr><tr><td>Array-ID</td><td>entspricht dem Eintrag im Wizard (Assistenten) Install Capillary Array (Kapillaren-Array-Installation).</td></tr></table> Hinweis Neben den vier mit Hilfe der Pulldown-Menüs festgelegten Namenszusätzen erhalten alle Namen automatisch einen weiteren Zusatz. Der Probenname für die obige Beispielseite Data Analysis (Datenanalyse) wäre demzufolge also: <i>Sample Name_Well Position_Capillary Number.ab1</i>	Namenszusatz	Herkunft	Lauf-ID	von der Data Collection-Software erstellt	Probenname	entspricht dem Eintrag im Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung)	Vertiefungs- position	entspricht der Position der Probe auf der Platte (Spaltenbuchstabe und Reihennummer, z.B. C3)	Plattenname	entspricht dem Eintrag im Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung)	Geräte-ID	entspricht dem Benutzeroptionen-Eintrag in der Seite Data Collection (Datenerfassung)	Array-ID	entspricht dem Eintrag im Wizard (Assistenten) Install Capillary Array (Kapillaren-Array-Installation).
Namenszusatz	Herkunft														
Lauf-ID	von der Data Collection-Software erstellt														
Probenname	entspricht dem Eintrag im Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung)														
Vertiefungs- position	entspricht der Position der Probe auf der Platte (Spaltenbuchstabe und Reihennummer, z.B. C3)														
Plattenname	entspricht dem Eintrag im Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung)														
Geräte-ID	entspricht dem Benutzeroptionen-Eintrag in der Seite Data Collection (Datenerfassung)														
Array-ID	entspricht dem Eintrag im Wizard (Assistenten) Install Capillary Array (Kapillaren-Array-Installation).														

Arbeiten mit Platteneinheiten

Komponenten der Platteneinheiten

Die Platteneinheiten bestehen aus folgenden Komponenten:

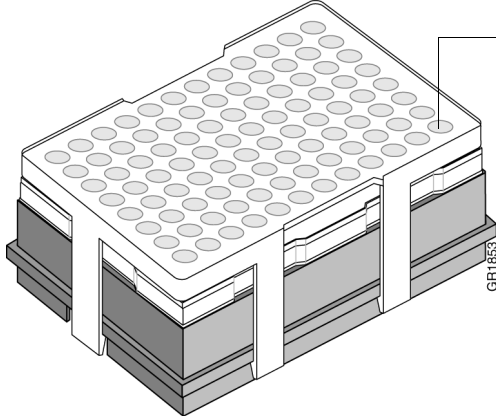


Vorbereitung einer Platteneinheit

Zum Vorbereiten einer Platteneinheit folgendermaßen vorgehen:

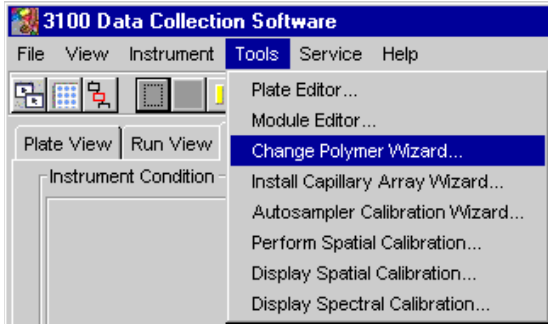
Schritt	Maßnahme
1	Fixieren Sie einen sauberen, trockenen Septumstreifen auf der Probenplatte. WICHTIG Niemals verzogene Platten verwenden. WICHTIG Sicherstellen, dass der Septumstreifen flach auf der Platte liegt.
2	Platzieren Sie die Probenplatte auf dem Plattenträger.
3	Lassen Sie den Plattenhalter über Platte und Plattenträger einrasten.

Zum Vorbereiten einer Platteneinheit folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
4	Vergewissern Sie sich, dass die Öffnungen der Plattenhalterung mit den Öffnungen des Septumstreifens ausgerichtet sind. WICHTIG Bei inkorrektter Ausrichtung der Plattenhalterungs- und Septumstreifenöffnungen kommt es zur Beschädigung der Array-Spitzen.  Die Öffnungen der Plattenhalterung müssen mit den Öffnungen des Septumstreifens ausgerichtet sein

Überprüfen und Auffüllen von Lösungen

Zugabe bzw. Wechsel des Polymers Vor der weiteren Gerätevorbereitung ist zu ermitteln, ob das im Gerät vorliegende Polymer aufgefüllt oder ausgewechselt werden muss.

Ist das im Gerät vorliegende Polymer...	folgendermaßen vorgehen:
weniger als 1 Woche alt und in ausreichender Menge für die Läufe vorhanden ^a	Vergewissern Sie sich, dass keine Luftblasen vorliegen und fahren Sie anschließend mit der Gerätevorbereitung fort. Hinweis Bezüglich der Beseitigung von Luftblasen Seite 5-4 einsehen.
über 1 Woche alt oder nicht in ausreichender Menge für die Läufe vorhanden	Füllen Sie die Spritzen und den oberen Polymerblock mit Polymer; befolgen Sie dazu die Anweisungen des Wizard (Assistenten) Change Polymer (Polymerwechsel). Bezüglich Anweisungen, siehe Seite 5-11.  ⚠ VORSICHT CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. POP-Polymer kann Augen, Haut und Atemwege reizen. Bitte das Sicherheitsdatenblatt einsehen und die Handhabungsanweisungen befolgen. Entsprechende Schutzbrille, Schutzkleidung und Schutzhandschuhe tragen. Nur zu Forschungs- und Entwicklungszwecken einsetzen.

a. Es müssen >0,5 mL vorliegen. Jeder Lauf verbraucht 50–80 µL des Polymers. Diese entspricht 60–100 Läufen mit einer Spritzenfüllung von 5 mL.

WICHTIG Polymer, das älter als 1 Woche ist, ist stets auszutauschen.

WICHTIG Vor dem weiteren Vorgehen sicherstellen, dass im oberen Polymerblock keine Luftblasen vorliegen. Bezüglich der Beseitigung von Luftblasen Seite 5-4 einsehen.

Zeitpunkt des Pufferwechsels Der 1X-Laufpuffer im Anodenpufferreservoir und im Kathodenpufferreservoir ist täglich oder aber vor jedem neuen Laufsatz auszutauschen.

WICHTIG Wird der Puffer nicht ausgetauscht, kann dies zu schlechterer Auflösung und Qualität der Daten führen.

WICHTIG Für das Auffüllen des Puffers und die Platzierung der Platte muss sich der Autosampler in Vorwärtsposition befinden; die Kapillarenspitzen müssen aus der Pufferlösung entfernt sein. Den Autosampler nicht länger als 30 Minuten lang in dieser Position belassen, da ansonsten die Kapillaren austrocknen können.

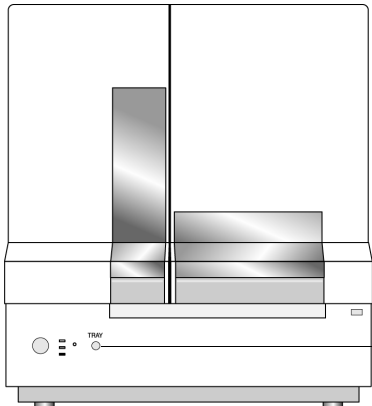
Pufferherstellung für einen Einzellauf

Zum Vorbereiten von 30 mL 1X-Laufpuffer folgendermaßen vorgehen:

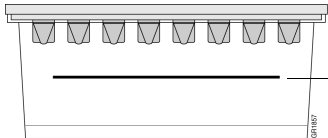
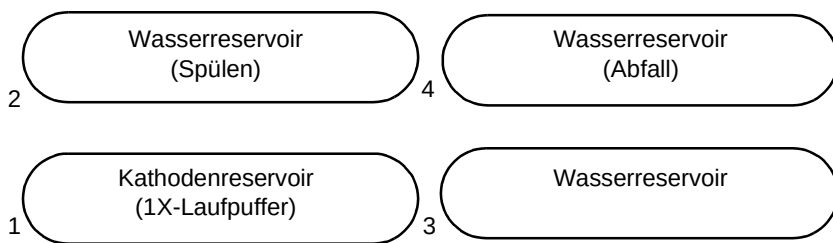
Schritt	Maßnahme
1	3,0 mL des 10X-Laufpuffers in einen Messzylinder geben.
2	Deionisiertes Wasser zugeben, um das Gesamtvolumen auf 30 mL zu bringen.
3	Gut mischen.

Befüllung der Wasser- und Kathodenpuffer- reservoirs

Zum Befüllen der Wasser- und Kathodenpufferreservoirs folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Schließen Sie die Gerätetüren.
2	Drücken Sie die Taste Tray (Tablett) an der Geräteaußenseite, um den Autosampler in die Vorwärtsposition zu bringen. 
3	Warten Sie den Stillstand des Autosamplers ab und öffnen Sie anschließend die Türen des Geräts.
4	Entfernen Sie das Kathodenpufferreservoir und die Wasserreservoirs aus dem Gerät.
5	Entsorgen Sie die Lösungsreste und spülen Sie die Reservoirs mit deionisiertem Wasser aus. Hinweis Die Abfallprodukte sind stark verdünnt, dennoch sollten zur ordnungsgemäßen Beseitigung die firmeninternen Abfallvorschriften eingehalten werden.
6	Spülen Sie das Kathodenreservoir mit 1X-Laufpuffer und füllen Sie es anschließend bis zur Markierungslinie mit 1X-Laufpuffer (etwa 17 mL).
7	Füllen Sie die Wasserreservoirs bis zur Markierungslinie mit qualitativ hochwertigem deionisiertem Wasser (etwa 17 mL).

Zum Befüllen der Wasser- und Kathodenpufferreservoirs folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
8	Geben Sie auf jedes Reservoir einen sauberen Septumstreifen und trocknen Sie das Äußere der Reservoirs mit einem fusselfreien Tuch ab. Hinweis Um Verwechslungen zu vermeiden, raten wir zum Kennzeichnen der Reservoirs. ⚠ VORSICHT Sicherstellen, dass die Septen fest und lückenlos auf den Reservoirs sitzen, damit die Kapillarenspitzen nicht beschädigt werden.  Flach auf dem Reservoir liegende Septen Füllstandslinie
9	Platzieren Sie die Reservoirs folgendermaßen in den entsprechenden Positionen des Autosamplers:  Wasserreservoir (Spülen) Wasserreservoir (Abfall) Kathodenreservoir (1X-Laufpuffer) Wasserreservoir

Befüllung des Anodenpufferreservoirs

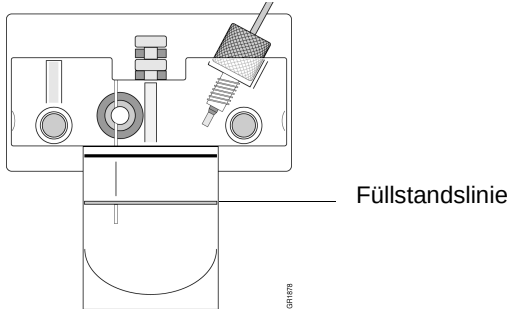
Der Anodenpuffer ist zu folgenden Zeitpunkten zu wechseln:

- ♦ Vor jedem Lauf bzw. mindestens alle 24 Std.
- ♦ Bei jeder Befüllung des Polymerblocks mit frischem Polymer

Zum Befüllen des Anodenpufferreservoirs mit 1X-Laufpuffer bis zur Füllstandslinie folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Entfernen Sie das Anodenpufferreservoir, indem Sie dieses kräftig nach unten ziehen und langsam drehen.
2	Entsorgen Sie den gebrauchten Puffer in angemessener Weise.
3	Reinigen und spülen Sie das Reservoir mit deionisiertem Wasser und spülen Sie es anschließend mit Puffer.

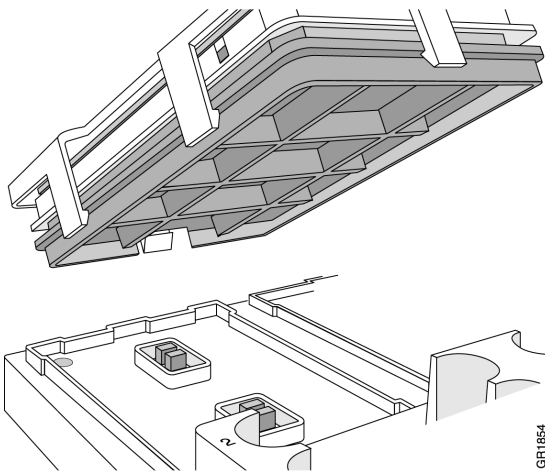
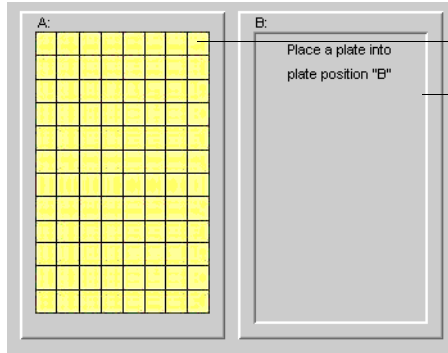
Zum Befüllen des Anodenpufferreservoirs mit 1X-Laufpuffer bis zur Füllstandslinie folgendermaßen vorgehen: *(Fortsetzung)*

Schritt	Maßnahme
4	Füllen Sie das Reservoir bis zur Füllstandslinie mit frischem 1X-Laufpuffer (etwa 8 mL). 
5	Setzen Sie das Anodenpufferreservoir in das Gerät ein. Hinweis Der Meniskus sollte an der Füllstandslinie liegen.
6	Falls sich das Reservoir mit Lösung füllt, wiederholen Sie dieses Verfahren zum Entsorgen und Austauschen des Laufpuffers. Hinweis Das Reservoir könnte sich während der Beseitigung von Luftblasen füllen.

Platzierung der Platte auf dem Autosampler

Platzierung der Platte auf dem Autosampler

Zum Platzieren der Platte auf dem Autosampler folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Platzieren Sie die Platteneinheit gemäß der folgenden Abbildung auf dem Autosampler. Hinweis Die Platte kann nur in einer Richtung platziert werden, wobei der eingekerbte Rand des Plattenträgers vom Benutzer weg weist.  WICHTIG Sicherstellen, dass die Platteneinheit flach in den Autosampler passt. Ansonsten könnten die Kapillarenspitzen die Platteneinheit aus dem Autosampler heben.
2	Bei korrekter Platzierung der Platte wechselt die Plattenpositionsanzeige der Seite Plate View (Platten-Anzeige) von grau zu gelb. Vergewissern Sie sich, dass dies der Fall ist.  Plattenplatzierung in Position A Keine Platte in Position B
3	Schließen Sie die Gerätetüren. Hinweis Das Schließen der Türen versetzt den Autosampler in die Position zurück, in der er sich vor dem Öffnen der Türen befand.

Erstellung eines Plate Records

Zum Plate Record Bei den Plate Records handelt es sich um Datentabellen in der Gerätedatenbank, in denen Angaben zu den Platten sowie zu den in diesen enthaltenen Proben gespeichert werden.

Hinweis Ein Plate Record entspricht weitgehend den Probenseiten oder Injektionslisten, die Ihnen evtl. von anderen ABI PRISM-Geräten geläufig sind.

Einsatz der Funktion Plate Editor (Plattenbearbeitung) zum Erstellen eines Plate Records

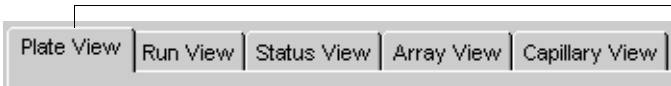
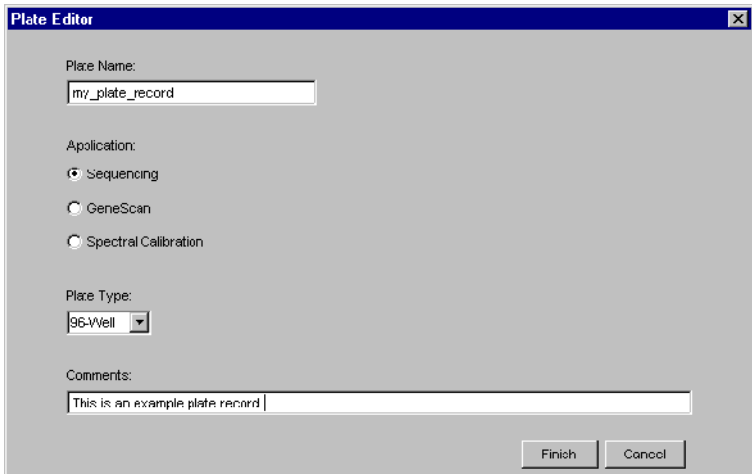
Die beiden folgenden Verfahren dienen zum Erstellen eines Plate Records mit Hilfe der Funktion Plate Editor (Plattenbearbeitung).

Weitere Methoden zur Erstellung von Plate Records sowie Angaben zum Importieren und Exportieren von Plate Records enthält die Bedienungsanleitung für den *ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100* (Bestell-Nr. 4315834).

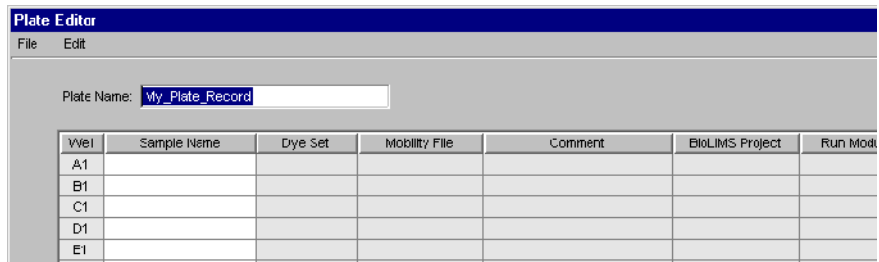
Eingabe der Plate Record- information

Hinweis Während eines Laufs können keine Plate Records erstellt werden.

Zum Eingeben der Plate Record-information folgendermaßen vorgehen:

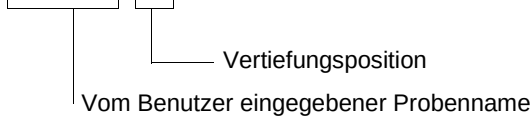
Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie im Fenster der 3100 Data Collection-Software auf das Register Plate View (Platten-Anzeige), um die Seite Plate View (Platten-Anzeige) aufzurufen.  Register Plate View (Platten-Anzeige)
2	Klicken Sie in der Utensilienleiste auf die Schaltfläche Plate Editor (Plattenbearbeitung).  Damit wird das Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung) aufgerufen. 

Zum Eingeben der Plate Record-information folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
3	Gehen Sie im Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung) folgendermaßen vor: ♦ Benennen Sie Ihre Platte. ♦ Legen Sie die Anwendung fest. ♦ Wählen Sie den Plattentyp. ♦ Geben Sie eventuelle Bemerkungen ein (optional). WICHTIG Für den Plattennamen sind lediglich Buchstaben, Ziffern und die folgenden Satzzeichen zulässig: -_(){}#.+ . Keine Leerstellen oder Sonderzeichen verwenden.
4	Klicken Sie zum Abschluß auf Finish (Fertig). Es wird das Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung) aufgerufen. 

Eingabe von Probandaten

Zum Eingeben von Probandaten und Speichern des Plate Records folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Geben Sie im Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung) die Namen aller Proben in die Spalte Sample Name (Probenname) ein. Hinweis Im Rahmen der Vorgabe-Namenskonventionen geht der eingegebene Probenname in den Probandateinamen ein. Beispiel: MySample_A01_.ab1  Sie können die für die Probandateien zum Einsatz kommende Namenskonvention im Dialogfeld Preferences (Benutzeroptionen) ändern. Einzelheiten enthält Seite 2-7. WICHTIG Für den Probenamen sind lediglich Buchstaben, Ziffern und die folgenden Satzzeichen zulässig: -_(){}#.+ . Keine Leerstellen oder Sonderzeichen verwenden. WICHTIG Die Probandateinamen dürfen nicht mehr als 59 Zeichen umfassen. Es gibt keine automatische Überprüfung der Probenamen im Hinblick auf die Überschreitung dieses Limits. Probandateien mit langen Namen können von der Analyse-Software nicht geöffnet werden.

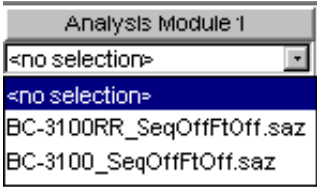
Zum Eingeben von Probanddaten und Speichern des Plate Records folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme										
2	Wählen Sie für jede Probe den entsprechenden Dye Set (Filterset) aus der Dropdown-Liste. Wählen Sie für die ABI PRISM® DNA-SequenzAnalyse-Software den Filterset E. Dye Set E <no selection> C D E E5 F G5 Z WICHTIG Es ist wichtig, dass der korrekte Filterset für den Lauf gewählt wird. Werden die Daten mit dem falschen Filterset erfasst, muss der Lauf wiederholt werden.										
3	Wählen Sie für jede Probe das entsprechende Mobility File (Mobilitätsdatei) aus der Dropdown-Liste. Mobility File <no selection> <no selection> DP3100POP6{BD-21M13}v1.mob DP3100POP6{BD-M13Rev}v1.mob DT3100POP6{BD}v2.mob DT3100POP6{dRhod}v1.mob Hinweis Eventuell muss die Spaltengröße verändert werden, um den gesamten Dateinamen sichtbar zu machen. Dazu den Cursor zwischen den Spaltentiteln platzieren (wo er zum Doppelpfeil wird) und nach rechts ziehen. Mobility File ↔ Comment Die folgende Tabelle gibt an, welche Mobilitätsdatei zu wählen ist, und zwar in Abhängigkeit von der angewandten Sequenziermethode. <table><tr><th>DNA-Sequenziermethode</th><th>Mobilitätsdatei</th></tr><tr><td>ABI PRISM® BigDye™-Primer-Methode mit dem Primer -21m13</td><td>DP3100POP6{BD-21M13}v1.mob</td></tr><tr><td>BigDye-Primer-Methode mit dem Reverse-Primer</td><td>DP3100POP6{BD-M13Rev}v1.mob</td></tr><tr><td>ABI PRISM® BigDye™-Terminator-Methode</td><td>DT3100POP6{BD}v2.mob</td></tr><tr><td>ABI PRISM®-dRhodamin-Terminator-Methode</td><td>DT3100POP6{dRhod}v1.mob</td></tr></table>	DNA-Sequenziermethode	Mobilitätsdatei	ABI PRISM® BigDye™-Primer-Methode mit dem Primer -21m13	DP3100POP6{BD-21M13}v1.mob	BigDye-Primer-Methode mit dem Reverse-Primer	DP3100POP6{BD-M13Rev}v1.mob	ABI PRISM® BigDye™-Terminator-Methode	DT3100POP6{BD}v2.mob	ABI PRISM®-dRhodamin-Terminator-Methode	DT3100POP6{dRhod}v1.mob
DNA-Sequenziermethode	Mobilitätsdatei										
ABI PRISM® BigDye™-Primer-Methode mit dem Primer -21m13	DP3100POP6{BD-21M13}v1.mob										
BigDye-Primer-Methode mit dem Reverse-Primer	DP3100POP6{BD-M13Rev}v1.mob										
ABI PRISM® BigDye™-Terminator-Methode	DT3100POP6{BD}v2.mob										
ABI PRISM®-dRhodamin-Terminator-Methode	DT3100POP6{dRhod}v1.mob										

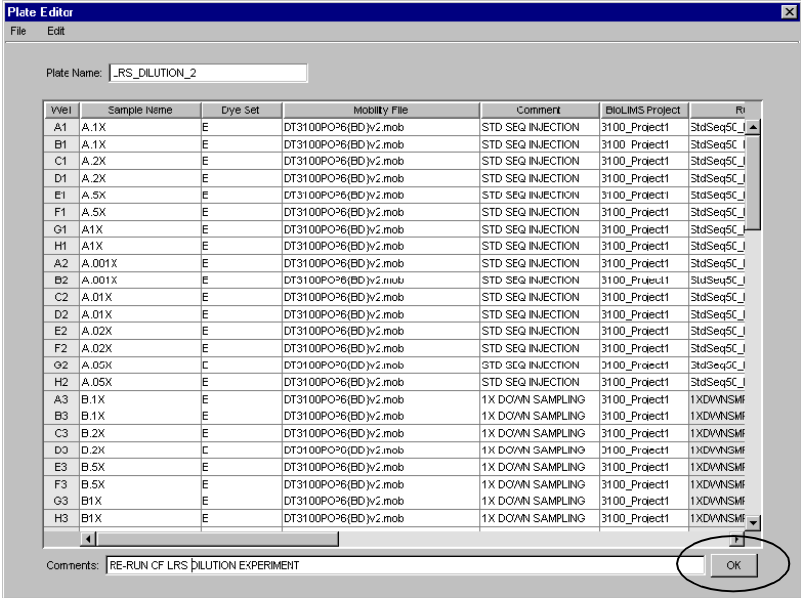
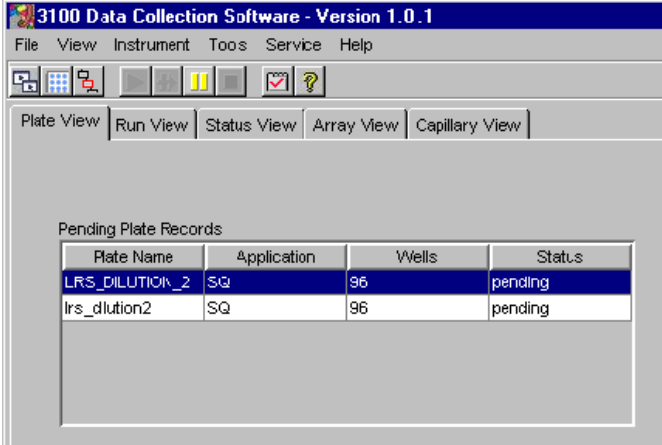
Zum Eingeben von Probendaten und Speichern des Plate Records folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme						
4	Geben Sie ein BioLIMS-Projekt ein. WICHTIG Für jede Probe ist ein BioLIMS-Projekt erforderlich, auch wenn die BioLIMS-Datenbank nicht verwendet wird. a. Klicken Sie auf die Zelle BioLIMS Project (BioLIMS-Projekt) für die Vertiefung A1. b. Wählen Sie aus der Dropdown-Liste einen Projektnamen. WICHTIG Es muss ein BioLIMS-Projekt eingegeben werden. Hinweis Weitere Angaben zum Einrichten von BioLIMS-Projekten enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i>. c. Gehen Sie zum Zuweisen des selben Projektnamens für alle Proben des Plate Records folgendermaßen vor: – Klicken Sie auf die Spaltenüberschrift, um die gesamte Spalte auszuwählen. – Drücken Sie STRG+D. Hinweis Drücken Sie STRG+D stets dann, wenn ein Feld für alle Proben des Plate Records das selbe sein soll.						
5	Wählen Sie für jede Probe das entsprechende Run Module (Laufmodul) aus der Dropdown-Liste. Hinweis Bezüglich der Anzeige oder Bearbeitung von Laufmoduldateien, siehe Seite 2-26. Die folgende Tabelle enthält das für Ihren Lauftyp zu wählende Laufmodul: <table border="1"> <thead> <tr> <th>Lauftyp</th><th>Laufmodul</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Standardmäßige DNA-Sequenzierung</td><td>StdSeq50_POP6DefaultModule</td></tr> <tr> <td>Schnelle DNA-Sequenzierung</td><td>RapidSeq36_POP6DefaultModule</td></tr> </tbody> </table> Hinweis Werden für verschiedene Proben verschiedene Module gewählt, werden die Proben automatisch so gruppiert, dass alle Proben mit dem gleichen Laufmodul zugleich bearbeitet werden. Die Läufe werden in alphanumerischer Reihenfolge nach den Laufmodulnamen geplant und nicht in der Reihenfolge des Plate Records oder nach Probenamen.	Lauftyp	Laufmodul	Standardmäßige DNA-Sequenzierung	StdSeq50_POP6DefaultModule	Schnelle DNA-Sequenzierung	RapidSeq36_POP6DefaultModule
Lauftyp	Laufmodul						
Standardmäßige DNA-Sequenzierung	StdSeq50_POP6DefaultModule						
Schnelle DNA-Sequenzierung	RapidSeq36_POP6DefaultModule						

Zum Eingeben von Probandaten und Speichern des Plate Records folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme						
6	Wählen Sie für jede Probe das entsprechende Analysis Module (Analysemodul) aus der Dropdown-Liste. WICHTIG Wenn die Analyse im Anschluß an den Lauf automatisch erfolgen soll, ist die Benutzeroption AutoAnalysis (Auto-Analyse) zu wählen (siehe Seite 2-7).  Die folgende Tabelle enthält das für Ihren Lauftyp zu wählende Analysemodul: <table> <tr> <th>Lauftyp</th><th>Analysemodul</th></tr> <tr> <td>Standardmäßige DNA-Sequenzierung</td><td>BC-3100_SeqOffFtOff.saz</td></tr> <tr> <td>Schnelle DNA-Sequenzierung</td><td>BC-3100RRv2_SeqOffFtOff.saz</td></tr> </table> Hinweis Die Einstellungen für jede Einzelne dieser Dateien können mit Hilfe der DNA-SequenzAnalyse-Software eingesehen werden. Die Einstellungen sind im <i>Benutzerhandbuch für die ABI PRISM-Sequenzanalyse-Software</i>. (Bestell-Nr. 4308924) erläutert.	Lauftyp	Analysemodul	Standardmäßige DNA-Sequenzierung	BC-3100_SeqOffFtOff.saz	Schnelle DNA-Sequenzierung	BC-3100RRv2_SeqOffFtOff.saz
Lauftyp	Analysemodul						
Standardmäßige DNA-Sequenzierung	BC-3100_SeqOffFtOff.saz						
Schnelle DNA-Sequenzierung	BC-3100RRv2_SeqOffFtOff.saz						
7	Falls Sie eine Probe erneut bearbeiten möchten, wählen Sie ein zweites Laufmodul und ein zweites Analysemodul. Sie können die Probe in einer verknüpften Platte bis zu fünf Mal bearbeiten.  Die Proben werden automatisch so gruppiert, dass alle Proben mit demselbem Laufmodul der Reihe nach bearbeitet werden.						

Zum Eingeben von Probanden und Speichern des Plate Records folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
8	Vergewissern Sie sich, dass der Plate Record korrekt ist und klicken Sie anschließend auf OK.  Hinweis Das Speichern des neuen Plate Records in der Datenbank und die Aufnahme in die nachfolgend abgebildete Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) kann eine Weile dauern. Hinweis Um einen Namen für einen weiteren Plate Record zu verwenden, muss der vorliegende Plate Record zunächst aus der Datenbank gelöscht werden. 

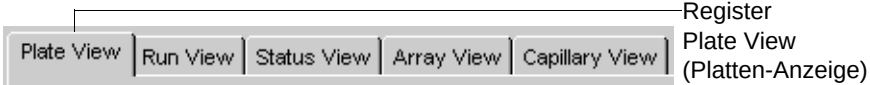
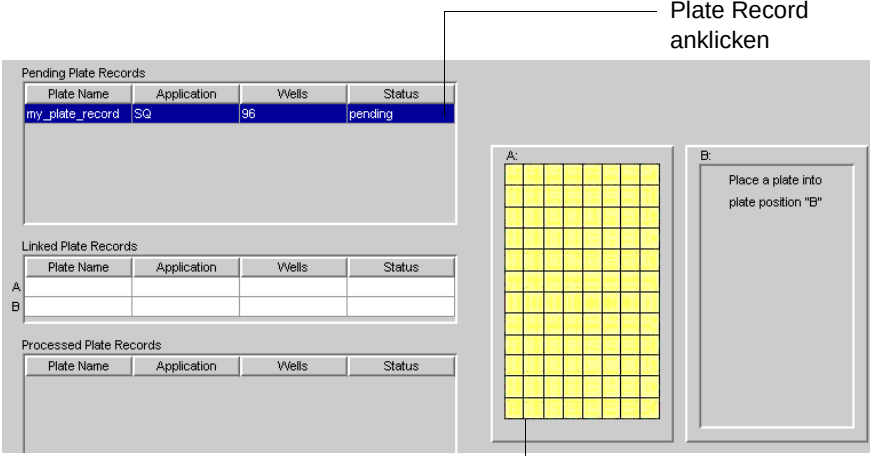
Verknüpfung von Platten

Einführung Dieses Verfahren beschreibt die Verknüpfung einer auf dem Autosampler befindlichen Platte mit dem erstellten Plate Record. Bevor eine Platte bearbeitet werden kann, muss dies erfolgen.

WICHTIG Eine Platte kann auch dann verknüpft werden, wenn für deren Proben keine Laufmodule gewählt sind. In diesem Fall erfolgt keine Fehlermeldung, und es werden keine Läufe für die in der Platte befindlichen Proben geplant.

Verknüpfung einer Platte mit einem Plate Record

Zum Verknüpfen einer Platte mit einem Plate Record folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie im Fenster der 3100 Data Collection-Software auf das Register Plate View (Platten-Anzeige), um die Seite Plate View (Platten-Anzeige) aufzurufen. 
2	Gehen Sie in der Seite Plate View (Platten-Anzeige) folgendermaßen vor: - Klicken Sie in der Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) auf den Plate Record für die zu verknüpfende Platte. - Klicken Sie auf die Plattenpositionsanzeige für die zu verknüpfende Platte. 

Zum Verknüpfen einer Platte mit einem Plate Record folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
3	Vergewissern Sie sich, dass die Platte verknüpft wurde. Wenn die Platte verknüpft wurde, geschieht Folgendes: ♦ Die Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf) in der Utensilienleiste ist aktiviert, was bedeutet, dass das Gerät für den Lauf bereit ist. ♦ Die Plattenpositionsanzeige für die verknüpfte Platte wird grün. ♦ Der Plate Record aus der Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) wird in die Tabelle Linked Plate Records (Verknüpfte Plate Records) verschoben.
	Aktivierte Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf) Grüne Plattenpositionsanzeige The screenshot shows the '3100 Data Collection Software - Version 1.0.1' window. It features a menu bar (File, View, Instrument, Tools, Service, Help) and a toolbar with icons for file operations and instrument control. The 'Run' button in the toolbar is highlighted with a green border, indicating it is active. Below the toolbar, there are four tabs: 'Plate View', 'Run View', 'Status View', and 'Array View'. The 'Plate View' tab is selected, displaying three tables: 'Pending Plate Records', 'Linked Plate Records', and 'Processed Plate Records'. The 'Pending Plate Records' table lists several records with status 'pending'. The 'Linked Plate Records' table shows a record 'my_plate_record' with status 'pending'. The 'Processed Plate Records' table lists records with status 'processed'. To the right of the tables, there is a plate layout diagram with two sections, A and B. Section A is a 6x6 grid of green squares, representing the plate positions. Section B is a larger area with the text 'Place a plate into plate position "B"'. A line points from the text 'Grüne Plattenpositionsanzeige' to the green grid in section A. Another line points from the text 'Aktivierte Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf)' to the 'Run' button in the toolbar. A third line points from the text 'Plate Record in der Tabelle Linked Plate Records (Verknüpfte Plate Records)' to the 'my_plate_record' entry in the 'Linked Plate Records' table.
4	Wiederholen Sie ggf. die Schritte 1–3 zum Verknüpfen einer zweiten Platte.

Zum Verknüpfen einer Platte mit einem Plate Record folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

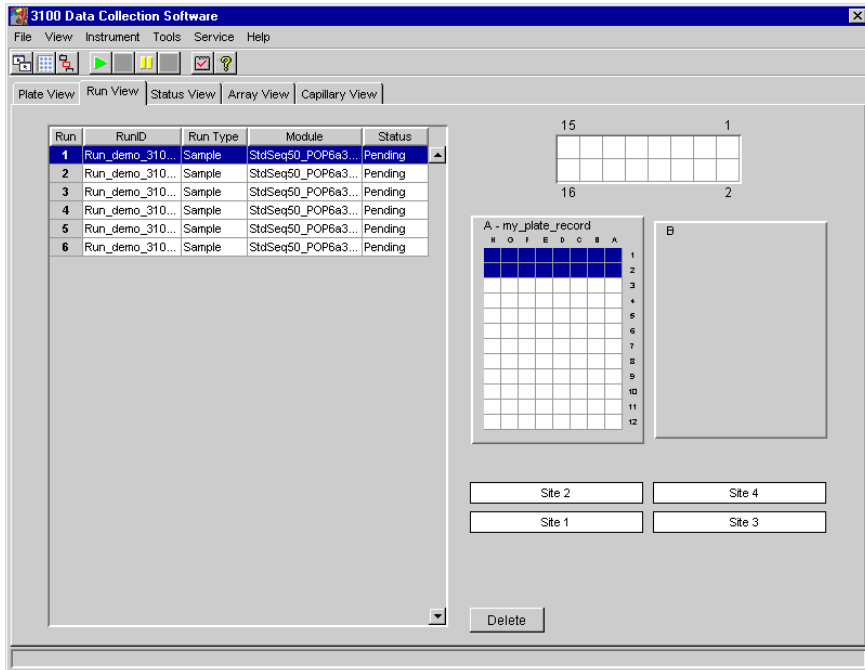
Schritt

Maßnahme

5

Klicken Sie auf das Register **Run View** (Laufanzeige), um den Laufplan anzuzeigen.

Hinweis Es ist zwar möglich, einzelne Läufe zu löschen, jedoch kann die im Laufplan festgelegte Reihenfolge nicht geändert werden. Der Laufplan wird von einer Reihe von Faktoren bestimmt; siehe dazu die *Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100*.



The screenshot shows the '3100 Data Collection Software' window. The 'Run View' tab is selected, displaying a table of runs and a graphical representation of a plate layout.

Run	RunID	Run Type	Module	Status
1	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending
2	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending
3	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending
4	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending
5	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending
6	Run_demo_310...	Sample	StdSeq50_POP6a3...	Pending

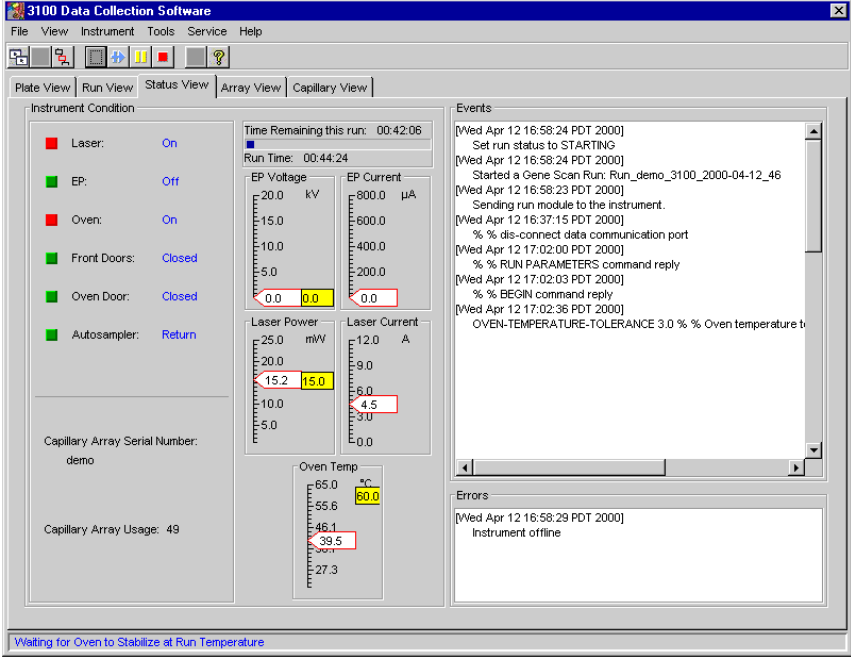
The graphical representation shows a 16-well plate layout with wells labeled 1 through 16. A 'Delete' button is located at the bottom right of the interface.

Starten und Überwachen des Laufs

Starten eines Laufs Zum Starten eines Laufs folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie auf die grüne Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf), um die geplanten Läufe einzuleiten.  Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf)

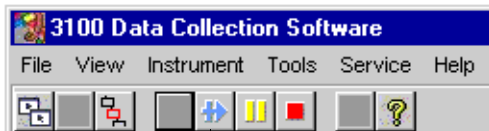
Überwachen eines Laufs Zum Überwachen eines Laufs folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie auf das Register Status View (Status-Anzeige), um den Gerätestatus während des Laufs zu überwachen. 
2	Während des Laufs können Sie die Daten in den Seiten Array View (Array-Anzeige) und Capillary View (Kapillaren-Anzeige) einsehen. WICHTIG Die Fenster Array View (Array-Anzeige) und Capillary View (Kapillaren-Anzeige) müssen nach dem Einsehen stets geschlossen werden. Während des Laufs sollten diese Seiten nicht über längere Zeit hinweg aufgerufen bleiben, da andernfalls irreparable Probleme mit der Bildschirmauffrischung auftreten. Das Fenster Status View (Status-Anzeige) offen lassen. Weitere Angaben zum Anzeigen von Array und Kapillaren enthält „Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs in der Data Collection-Software“ auf Seite 3-2.

Stoppen eines Laufs und Wiederherstellung der Daten

Stoppen oder Auslassen eines Laufs

Während des Laufs sind in der Utensilienleiste die Schaltflächen Skip (Auslassen), Pause (Unterbrechen) und Stop (Stoppen) sichtbar.



Schaltfläche Stop (Stoppen)

Schaltfläche Pause (Unterbrechen)

Schaltfläche Skip to Next Run (Auslassen – weiter mit nächstem Lauf)

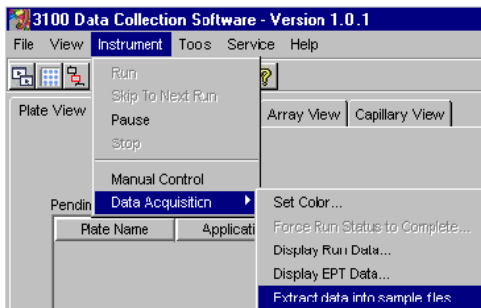
Zum Stoppen des gegenwärtigen Laufs und...	Folgendes anklicken...
Fortfahren mit den übrigen geplanten Läufen	Schaltfläche Skip (Auslassen).
Stoppen der übrigen geplanten Läufe	a. Schaltfläche Stop (Stoppen). b. Now (Jetzt) im Dialogfeld Question (Frage).



Bei Fehlschlagen der automatischen Extraktion

Die automatische Extraktionsfunktion sollte automatisch die Daten des gestoppten Laufs eingeholt haben. Ist dies nicht der Fall, kann der Befehl **Extract data into sample files** (Daten in Proben Dateien erfassen) wie folgt angewendet werden.

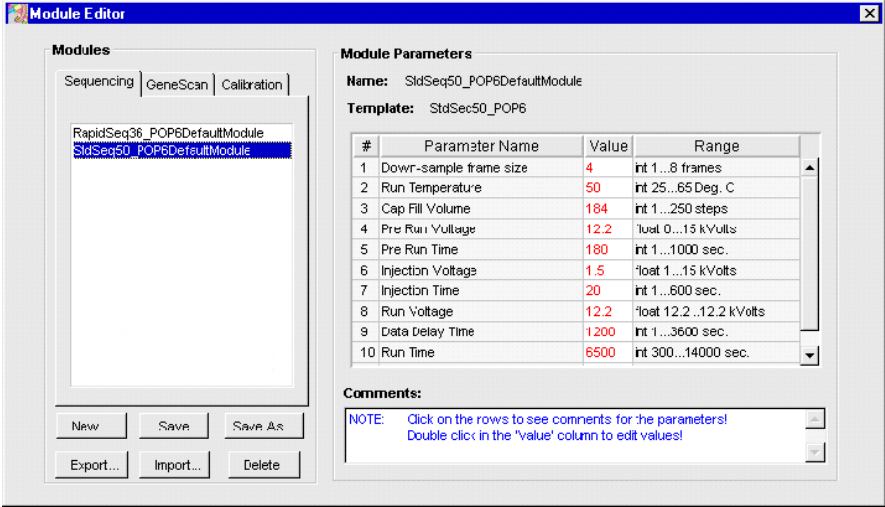
Zum Wiederherstellen der Daten eines gestoppten Laufs folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Zeigen Sie im Menü Instrument (Gerät) auf Data Acquisition (Datenerfassung) und wählen Sie Extract data into sample files (Daten in Proben Dateien erfassen).  Achten Sie darauf, dass in der Statusleiste die Meldung „Sample Files Successfully Extracted“ (Extraktion der Proben Dateien erfolgreich) erscheint. Hinweis Die extrahierten Daten sind nicht analysiert. Die Proben Dateien müssen zunächst mit Hilfe der GeneScan-Analyse-Software analysiert werden.

Anzeigen, Bearbeiten oder Erstellen von Laufmodulen

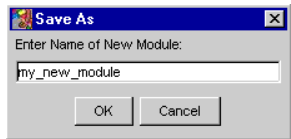
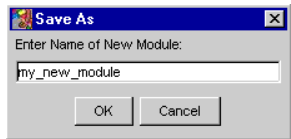
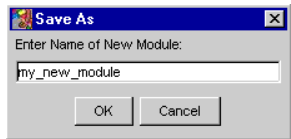
Einführung Die Daten des Laufmoduls legen fest, wie die Probe abgearbeitet wird (z.B., Laufdauer, Lauftemperatur und Injektionszeit).

Einsehen eines Laufmoduls Zum Einsehen eines Laufmoduls folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie in der Utensilienleiste auf die Schaltfläche Module Editor (Modulbearbeitung).  Damit wird das Dialogfeld Module Editor (Modulbearbeitung) aufgerufen.
2	Klicken Sie in der Gruppe Modules (Module) auf das Register Sequencing (Sequenzierung).
3	Wenn Sie die Parameter eines bestimmten Moduls einsehen möchten, wählen Sie den Namen des betreffenden Moduls aus der Liste. Daraufhin werden sämtliche Parameter des Laufmoduls angezeigt. 

Bearbeiten oder Erstellen eines Laufmoduls

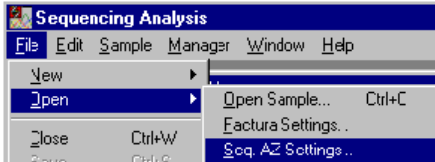
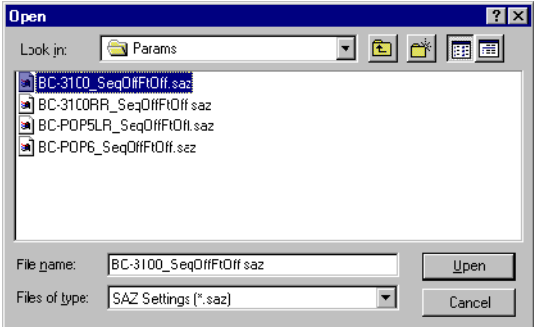
Zum Bearbeiten eines bereits vorliegenden Laufmoduls bzw. Erstellen eines neuen Laufmoduls folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme						
1	Klicken Sie in der Utensilienleiste auf die Schaltfläche Module Editor (Modulbearbeitung).  Damit wird das Dialogfeld Module Editor (Modulbearbeitung) aufgerufen.						
2	Wählen Sie ein als Schablone zu verwendendes Laufmodul.						
3	Modifizieren Sie die zu ändernden Parameterwerte. WICHTIG Es sind nur ganze Zahlen zulässig. WICHTIG Alle Werte müssen rot erscheinen — schwarze Werte werden nicht gespeichert.						
4	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Wenn Folgendes gewünscht wird...</th><th>folgendermaßen vorgehen:</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Speicherung der Änderungen im aktuellen Modul</td><td> Klicken Sie auf Save (Speichern). Hinweis Die Option Save (Speichern) ist für Vorgabemodule nicht anwendbar. </td></tr> <tr> <td>Erstellung eines neuen Laufmoduls</td><td> a. Klicken Sie auf Save As (Speichern unter). b. Geben Sie einen unverkennbaren, aussagekräftigen Namen ein und klicken Sie auf OK.  </td></tr> </tbody> </table>	Wenn Folgendes gewünscht wird...	folgendermaßen vorgehen:	Speicherung der Änderungen im aktuellen Modul	Klicken Sie auf Save (Speichern). Hinweis Die Option Save (Speichern) ist für Vorgabemodule nicht anwendbar.	Erstellung eines neuen Laufmoduls	a. Klicken Sie auf Save As (Speichern unter). b. Geben Sie einen unverkennbaren, aussagekräftigen Namen ein und klicken Sie auf OK. 
Wenn Folgendes gewünscht wird...	folgendermaßen vorgehen:						
Speicherung der Änderungen im aktuellen Modul	Klicken Sie auf Save (Speichern). Hinweis Die Option Save (Speichern) ist für Vorgabemodule nicht anwendbar.						
Erstellung eines neuen Laufmoduls	a. Klicken Sie auf Save As (Speichern unter). b. Geben Sie einen unverkennbaren, aussagekräftigen Namen ein und klicken Sie auf OK. 						
5	Klicken Sie nach Abschluss auf die Schließen-Schaltfläche (), um die Funktion Module Editor (Modulbearbeitung) zu beenden.						

Anzeigen und Bearbeitung eines Analysemoduls

Einführung Das Analysemodul legt die Art und Weise der automatischen Rohdatenanalyse am Laufende fest (z.B., Analysebereich und Größenstandardparameter).

Anzeigen und Bearbeitung eines Analysemoduls Zum Anzeigen oder Bearbeiten eines Analysemoduls (.saz-Datei) folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Starten Sie die Sequenzanalyse-Software. Eventuell gibt es im Start-Menü ein Symbol für dieses Programm. Ansonsten finden Sie die DNA-Sequenzanalyse-Software (SeqA.exe) im folgenden Verzeichnis: D:\AppliedBio\SeqAnal\Bin
2	Zeigen Sie im Menü File (Datei) auf Open (Öffnen) und wählen Sie Seq.AZ Settings.  The screenshot shows the 'Sequencing Analysis' application window. The 'File' menu is open, and the 'Open' option is highlighted. Other options visible include 'New', 'Close', 'Open Sample...', 'Factura Settings...', and 'Seq. AZ Settings..'. Keyboard shortcuts like 'Ctrl+C' and 'Ctrl+W' are also shown.
3	Wählen Sie das Analysemodul, das Sie anzeigen bzw. bearbeiten möchten. Die Analysemodule sind im folgenden Verzeichnis gespeichert: D:\AppliedBio\Shared\Analysis\Baseecaller\Params  The screenshot shows an 'Open' file dialog box. The 'Look in:' field shows 'Params'. A list of files is displayed, including 'BC-3100_SeqOffFtOff.saz', 'BC-3100RR_SeqOffFtOff.saz', 'BC-POP5LR_SeqOffFtOff.saz', and 'BC-POP6_SeqOffFtOff.saz'. The 'File name:' field contains 'BC-3100_SeqOffFtOff.saz'. The 'Files of type:' dropdown is set to 'SAZ Settings (*.saz)'. 'Open' and 'Cancel' buttons are at the bottom right.
4	Klicken Sie auf Open (Öffnen). Damit wird die Datei für DNA Sequencing Analysis Setting (Rahmen für DNA-Sequenzanalyse) geöffnet.

Zum Anzeigen oder Bearbeiten eines Analysemoduls (.saz-Datei) folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme								
5	BC-3100_SeqOfftOff.saz Basecaller Basecaller Type Basecaller-3100 Basecaller Settings Default Settings ☐ Write .Seq Files Sequence File Format ☒ ABI ☐ FASTA Factura Settings File Don't Factorize Sie können die Einstellungen bearbeiten: ♦ Basecaller Type kann Basecaller-3100 sein (für die standardmäßige Sequenzierung) oder auch Basecaller-3100RR (für Sequenzierung mit Schnellablesung). Diese Dateien befinden sich im folgenden Verzeichnis: D:\AppliedBio\Shared\Analysis\Basecaller\Params. ♦ Die Auswahlen für Basecaller Settings (Basecaller-Rahmen) werden im Dialogfeld Preferences (Benutzeroptionen) getroffen, das über das Menü Edit (Bearbeiten) aufgerufen wird. ♦ Bei Markierung des Kontrollkästchens Write .Seq Files (.Seq-Dateien schreiben) werden die Textdateien der Sequenzen mit identifizierten Basen entweder im Format ABI oder im Format FASTA aufgezeichnet. ♦ Wird eine Datei unter Factura Settings File (Factura-Rahmendatei) gewählt, wird bei der Analyse die Factura-Verarbeitung angewendet. – Zum Anzeigen oder Bearbeiten einer Factura settings-Datei (Factura-Rahmendatei) folgendermaßen vorgehen: Zeigen Sie im Menü File (Datei) auf Open, (Öffnen) und wählen Sie Factura Settings (Factura-Rahmen). – Diese Dateien befinden sich im folgenden Verzeichnis: D:\AppliedBio\Shared\Analysis\Factura								
6	<table><tr><th>Falls Sie das Analysemodul modifiziert haben und Folgendes tun möchten...</th><th>folgendermaßen vorgehen:</th></tr><tr><td>die Änderungen in Form eines neuen Analysemoduls speichern</td><td>a. Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save As (Speichern unter). b. Weisen Sie einen unverkennbaren Namen zu und klicken Sie auf OK.</td></tr><tr><td>die Änderungen im aktuellen Analysemodul speichern</td><td>Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save (Speichern).</td></tr><tr><td>die Änderungen verwerfen</td><td>Klicken Sie auf die Schließen-Schaltfläche, um das Fenster zu schließen.</td></tr></table>	Falls Sie das Analysemodul modifiziert haben und Folgendes tun möchten...	folgendermaßen vorgehen:	die Änderungen in Form eines neuen Analysemoduls speichern	a. Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save As (Speichern unter). b. Weisen Sie einen unverkennbaren Namen zu und klicken Sie auf OK .	die Änderungen im aktuellen Analysemodul speichern	Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save (Speichern).	die Änderungen verwerfen	Klicken Sie auf die Schließen-Schaltfläche, um das Fenster zu schließen.
Falls Sie das Analysemodul modifiziert haben und Folgendes tun möchten...	folgendermaßen vorgehen:								
die Änderungen in Form eines neuen Analysemoduls speichern	a. Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save As (Speichern unter). b. Weisen Sie einen unverkennbaren Namen zu und klicken Sie auf OK .								
die Änderungen im aktuellen Analysemodul speichern	Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Save (Speichern).								
die Änderungen verwerfen	Klicken Sie auf die Schließen-Schaltfläche, um das Fenster zu schließen.								

Anzeigen und Analysieren von Daten

3

Überblick

In diesem Kapitel Dieses Kapitel befaßt sich mit folgenden Themen:

Thema	Siehe Seite
Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs in der Data Collection-Software	3-2
Anzeigen von analysierten Daten	3-5
Analysieren bzw. Re-Analysieren von Daten	3-11

Hinweis In diesem Kapitel wird vorausgesetzt, dass die Laufdaten in Probanddateien gespeichert wurden. Wird der ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100 in Verbindung mit dem BioLIMS® Datenbanksystem eingesetzt, sollte evtl. die *Bedienungsanleitung für die ABI PRISM-DNA-Sequenzanalyse-Software* (Bestell-Nr. 4308924) bezüglich Anweisungen zum Aufrufen der Datenbank mit Hilfe des Analyseprogramms eingesehen werden.

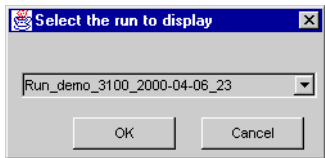
Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs in der Data Collection-Software

Einführung Bei Rohdaten handelt es sich um Daten mit Multikomponentenverarbeitung (d.h. mit Kompensierung für Spektralüberschneidungen), die jedoch nicht im Hinblick auf Mobilität korrigiert wurden. Es gibt zwei Formate für das Anzeigen der Rohdaten mit der 3100 Data Collection-Software:

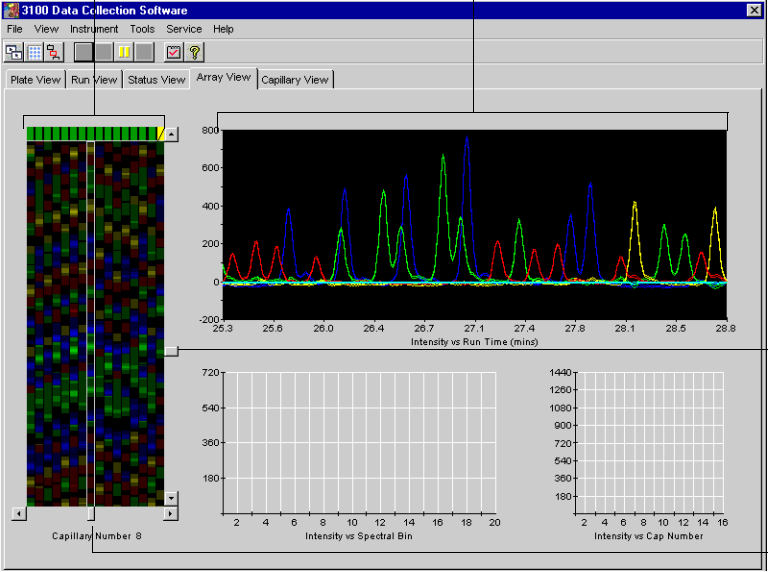
- ♦ Auf der Seite Array View (Array-Anzeige), in ähnlicher Weise wie beim Anzeigen der Gel-Dateiausgabe eines ABI PRISM® Schichtgel-Geräts
- ♦ Auf der Seite Capillary View (Kapillaren-Anzeige), Kapillare für Kapillare

WICHTIG Die Fenster Array View (Array-Anzeige) und Capillary View (Kapillaren-Anzeige) müssen nach dem Einsehen stets geschlossen werden. Während des Laufs sollten diese Seiten nicht über längere Zeit hinweg aufgerufen bleiben. Dies könnte zu irreparablen Problemen mit der Bildschirmauffrischung führen. Das Fenster Status View (Status-Anzeige) offen lassen.

Anzeigen von Rohdaten Zum Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs folgendermaßen vorgehen:

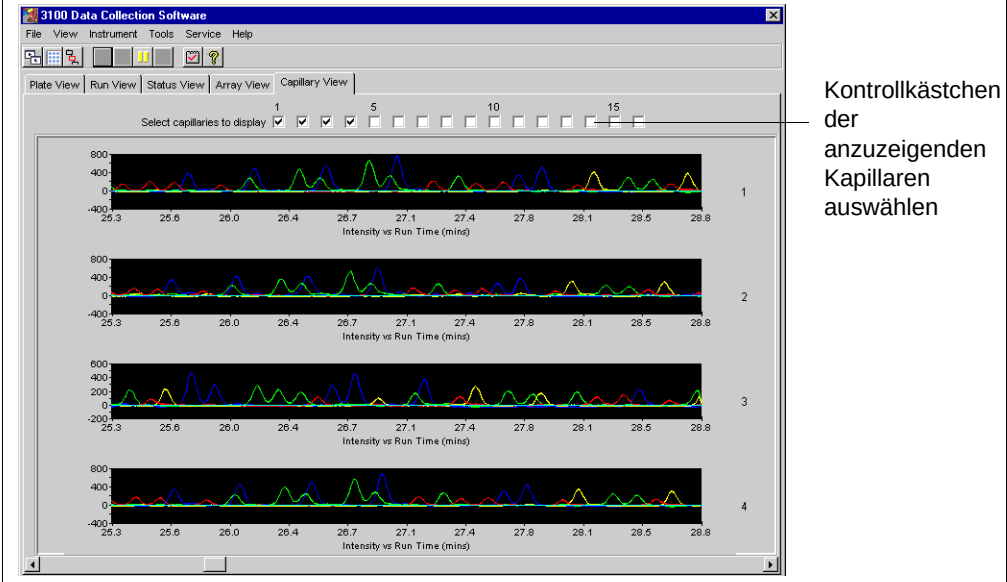
Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie in der 3100 Data Collection-Software auf das Register Array View (Array-Anzeige), um die Seite Array View (Array-Anzeige) aufzurufen.
2	Zeigen Sie im Menü Instrument (Gerät) auf Data Acquisition (Datenerfassung) und wählen Sie Display Run Data (Laufdaten anzeigen). Damit wird das Dialogfeld Select the run to display (Anzuzeigenden Lauf wählen) aufgerufen. 
3	Wählen Sie aus der Dropdown-Liste den Lauf, den Sie anzeigen möchten und klicken Sie auf OK. Hinweis Alle in der Datenbank des Geräts vorliegenden abgeschlossenen Läufe können angezeigt werden. Hinweis Das Aufrufen der Daten kann u.U. einen Augenblick dauern.

Zum Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
4	Verwenden Sie zum Einsehen der Daten die Scroll-Leisten der Seite Array View (Array-Anzeige). WICHTIG Die Fenster Array View (Array-Anzeige) und Capillary View (Kapillaren-Anzeige) müssen nach dem Einsehen stets geschlossen werden. Während des Laufs sollten diese Seiten nicht über längere Zeit hinweg aufgerufen bleiben. Dies könnte zu irreparablen Problemen mit der Bildschirmauffrischung führen. Das Fenster Status View (Status-Anzeige) offen lassen.
Kapillaren-/Farb- daten-Anzeige Rohdaten-Elektrophero- gramm-Anzeige für die gewählte Kapillare  Rollfeld zum blockweisen Einsehen der Daten Gewählte Kapillare wird in Diagramm-Mitte angezeigt	

Zum Anzeigen von Rohdaten eines abgeschlossenen Laufs folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
5	Es können auch die Elektropherogramm-Daten mehrerer Kapillaren zugleich angezeigt werden. Klicken Sie dazu auf das Register Capillary View (Kapillaren-Anzeige), um die Seite Capillary View (Kapillaren-Anzeige) aufzurufen. WICHTIG Die Fenster Array View (Array-Anzeige) und Capillary View (Kapillaren-Anzeige) müssen nach dem Einsehen stets geschlossen werden. Während des Laufs sollten diese Seiten nicht über längere Zeit hinweg aufgerufen bleiben. Dies könnte zu irreparablen Problemen mit der Bildschirmauffrischung führen. Das Fenster Status View (Status-Anzeige) offen lassen.



Anzeigen von analysierten Daten

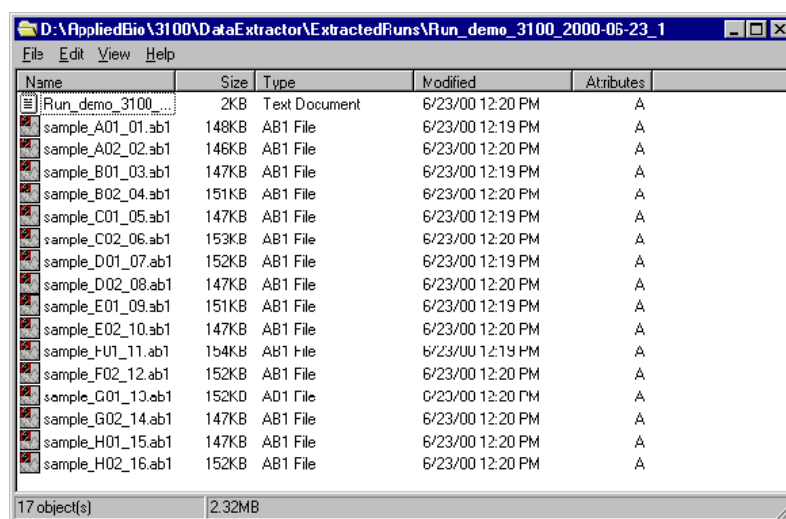
Einführung Nachdem die Laufdaten in Probendateien gespeichert sind, können mit Hilfe der ABI PRISM®-DNA-Analyse-Software sowohl rohe als auch analysierte Daten als Elektropherogramm angezeigt werden.

Bezüglich Einzelheiten zum Anzeigen und Analysieren von Sequenzanalyse-Daten die *Bedienungsanleitung für die ABI PRISM-DNA-Sequenzanalyse-Software* (Bestell-Nr. 4308924) einsehen.

Auffinden der Probendateien Nach dem Abschluss eines Laufs werden die analysierten Probendateien gemeinsam mit einem Lauf-Protokoll in einem Lauf-Ordner gespeichert, und zwar im folgenden Verzeichnis:

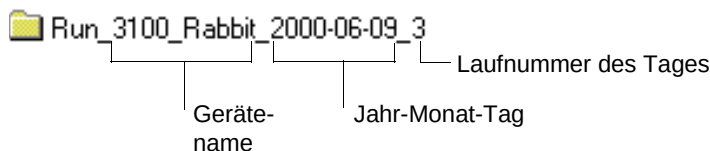
D:\AppliedBio\3100\DataExtractor\ExtractedRuns

Im Folgenden ist ein Beispiel eines Lauf-Ordners samt Inhalt abgebildet:



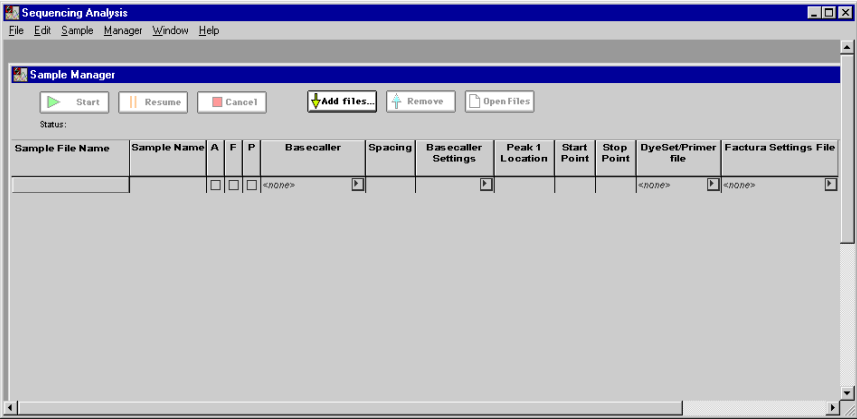
Lauf-Ordner Vorgabe-Name Der Vorgabe-Name des Lauf-Ordners lautet:
Run(Lauf)_<Gerätename>_<Datum>_<Lauf-ID>.

Namensbeispiel für einen Lauf-Ordner:

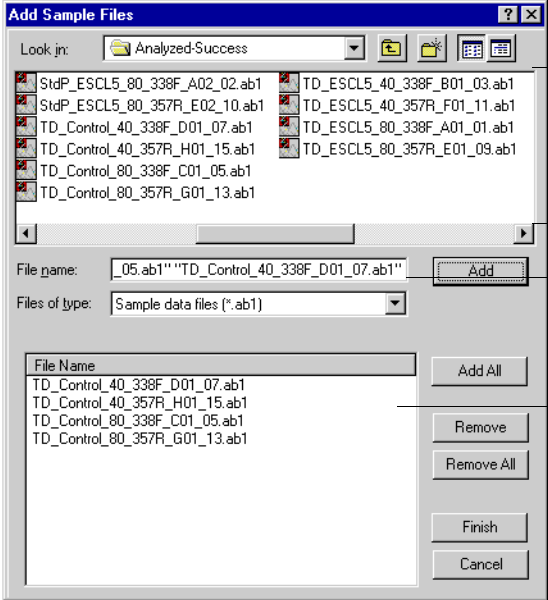
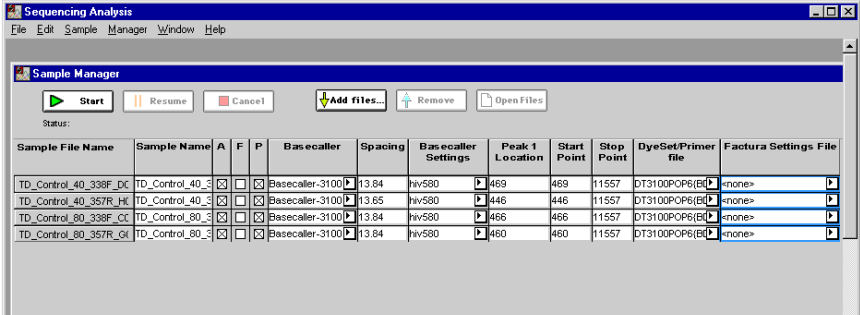


**Anzeigen Proben-
dateiinformationen**

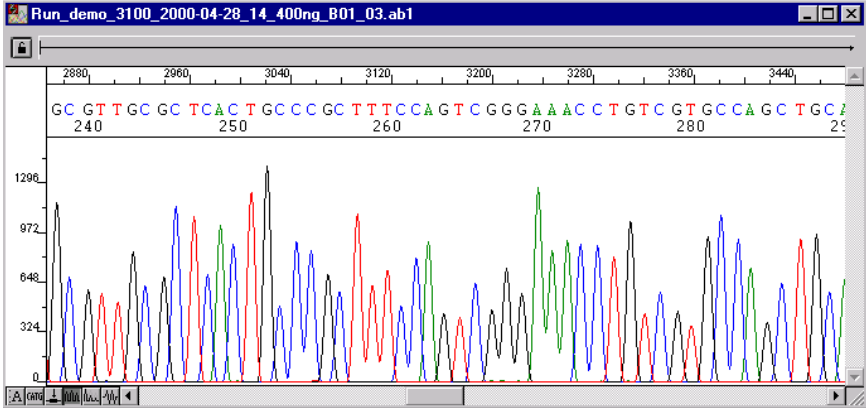
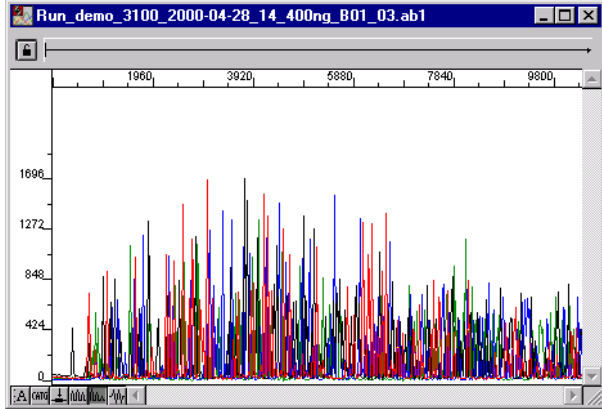
Zum Anzeigen von Probendateiinformationen folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Starten Sie die Sequenzanalyse-Software. Eventuell gibt es im Start-Menü ein Symbol für die Sequenzanalyse-Software. Ansonsten finden Sie das Sequenzanalyse-Programm (SeqA.exe) im folgenden Verzeichnis: D:\AppliedBio\SeqAna\Bin Es ist u.U. hilfreich, das Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) zu vergrößern. Verwenden Sie dazu die Schaltfläche Maximize (Vergrößern) () in der rechten oberen Fensterecke. 
2	Klicken Sie im Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) auf Add files (Dateien hinzufügen), um das Dialogfeld Add Sample Files (Probendateien hinzufügen) aufzurufen.

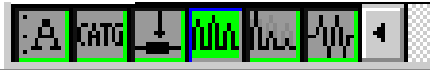
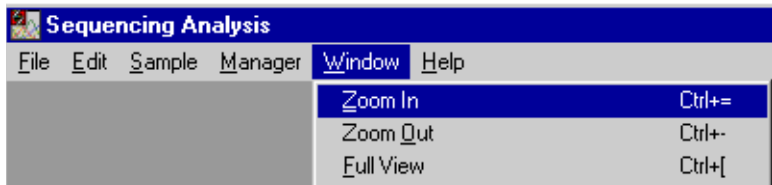
Zum Anzeigen von Probendateiinformationen folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
3	Wählen Sie die Dateien, die dem Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) hinzugefügt werden sollen. a. Machen Sie im oberen Bereich den Ordner mit den hinzuzufügenden Dateien ausfindig und öffnen Sie diesen. b. Führen Sie auf den Dateinamen einen Doppelklick aus, um diese in das Textfeld File name (Dateiname) aufzunehmen. c. Verwenden Sie ggf. die Schaltflächen Add All (Alle hinzufügen), Remove (Entfernen) oder Remove All (Alle entfernen), um alle gewünschten Dateien im Listenfeld File Name (Dateiname) zu platzieren. Diese Dateien werden zum Sample Manager (Probenverwaltung) hinzugefügt.  In diesem Verzeichnisbereich Dateinamen ausfindig machen und auf Add (Hinzufügen) klicken, um sie im Textfeld File name (Dateiname) zu platzieren. Textfeld File name (Dateiname) Bereich File name (Dateiname)
4	Klicken Sie, wenn alle gewünschten Dateien in der Liste File Name (Dateiname) vorliegen, auf die Schaltfläche Finish (Fertig) neben dem Dialogfeld Add Sample Files (Probendateien hinzufügen). Die Probendateien werden dem Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) hinzugefügt. Hinweis Im Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) werden lediglich die ersten 20 Zeichen des Probendateinamens angezeigt. 

Zum Anzeigen von Probendateiinformationen folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
5	Doppelklicken Sie auf den Namen einer Probendatei, um diese zu öffnen und deren Inhalt anzuzeigen. (Sie können auch mehrere Probendateien auf einmal öffnen, indem Sie diese im Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) auswählen und anschließend auf die Schaltfläche Open Files (Dateien öffnen) klicken.) Ist die Probendatei bereits analysiert, wird mit der Datei die Elektropherogramm-Anzeige aufgerufen.  Ist die Probendatei noch nicht analysiert, wird mit der Datei die Rohdaten-Anzeige aufgerufen. Anweisungen zum Analysieren von Daten enthält „Analysieren bzw. Re-Analysieren von Daten“ auf Seite 3-11. 

Zum Anzeigen von Probanddateiinformatioren folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme																					
6	Mit Hilfe der Schaltflächen unten links im Fenster können Sie die Anzeigedarstellung ändern.  ① ② ③ ④ ⑤ ⑥ <table><thead><tr><th>Schaltfläche</th><th>Anzeige-name</th><th>Beschreibung</th></tr></thead><tbody><tr><td>1</td><td>Annotation (Anmerkung)</td><td>Zusammenfassende Daten zu Probe und Lauf.</td></tr><tr><td>2</td><td>Sequence (Sequenz)</td><td>Der „Wortlaut“ der Nukleotidensequenz (Basensequenz).</td></tr><tr><td>3</td><td>Feature (Option)</td><td>Von der Factura™-Verarbeitung hinzugefügte Optionen.</td></tr><tr><td>4</td><td>Electropherogram (Elektropherogramm)</td><td>Analysierte Farbdaten, in der Basen als Peaks erscheinen. (Diese Anzeige ist nur für bereits analysierte Daten verfügbar.)</td></tr><tr><td>5</td><td>Raw Data (Rohdaten)</td><td>Daten mit Multikomponentenverarbeitung, die jedoch nicht im Hinblick auf Grundlinie oder Mobilität korrigiert wurden. (Bei noch nicht analysierten Probanddateien ist dies die Vorgabe-Anzeige.)</td></tr><tr><td>6</td><td>EPT</td><td>Diagramme von Spannung, Temperatur, Strom und Leistung. (Falls keine EPT-Daten verfügbar sind, kann dieser Bereich auch leer sein.)</td></tr></tbody></table>	Schaltfläche	Anzeige-name	Beschreibung	1	Annotation (Anmerkung)	Zusammenfassende Daten zu Probe und Lauf.	2	Sequence (Sequenz)	Der „Wortlaut“ der Nukleotidensequenz (Basensequenz).	3	Feature (Option)	Von der Factura™-Verarbeitung hinzugefügte Optionen.	4	Electropherogram (Elektropherogramm)	Analysierte Farbdaten, in der Basen als Peaks erscheinen. (Diese Anzeige ist nur für bereits analysierte Daten verfügbar.)	5	Raw Data (Rohdaten)	Daten mit Multikomponentenverarbeitung, die jedoch nicht im Hinblick auf Grundlinie oder Mobilität korrigiert wurden. (Bei noch nicht analysierten Probanddateien ist dies die Vorgabe-Anzeige.)	6	EPT	Diagramme von Spannung, Temperatur, Strom und Leistung. (Falls keine EPT-Daten verfügbar sind, kann dieser Bereich auch leer sein.)
Schaltfläche	Anzeige-name	Beschreibung																				
1	Annotation (Anmerkung)	Zusammenfassende Daten zu Probe und Lauf.																				
2	Sequence (Sequenz)	Der „Wortlaut“ der Nukleotidensequenz (Basensequenz).																				
3	Feature (Option)	Von der Factura™-Verarbeitung hinzugefügte Optionen.																				
4	Electropherogram (Elektropherogramm)	Analysierte Farbdaten, in der Basen als Peaks erscheinen. (Diese Anzeige ist nur für bereits analysierte Daten verfügbar.)																				
5	Raw Data (Rohdaten)	Daten mit Multikomponentenverarbeitung, die jedoch nicht im Hinblick auf Grundlinie oder Mobilität korrigiert wurden. (Bei noch nicht analysierten Probanddateien ist dies die Vorgabe-Anzeige.)																				
6	EPT	Diagramme von Spannung, Temperatur, Strom und Leistung. (Falls keine EPT-Daten verfügbar sind, kann dieser Bereich auch leer sein.)																				
7	Sie können die Elektropherogramm-, Rohdaten- bzw. EPT-Anzeige mit Hilfe der Befehle des Menüs Window vergrößern oder verkleinern. 																					

Zum Anzeigen von Probendateiinformationen folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme									
8	Gehen Sie zum Ausdrucken der Probendatei folgendermaßen vor: - Wählen Sie aus dem Menü File (Datei) die Option Print (Drucken), um das Dialogfeld Printing options (Druckoptionen) aufzurufen. - Markieren Sie diejenigen Darstellungen, die Sie ausdrucken möchten. - Klicken Sie auf OK. Sie können auch mehrere Probendateien auf einmal ausdrucken, indem Sie das Druck-Kontrollkästchen für die auszudruckenden Probendateien markieren und anschließend auf die Schaltfläche Start klicken. <table><tr><th>A</th><th>F</th><th>P</th></tr><tr><td>☐</td><td>☐</td><td>☒</td></tr><tr><td>☐</td><td>☐</td><td>☒</td></tr></table>	A	F	P	☐	☐	☒	☐	☐	☒
A	F	P								
☐	☐	☒								
☐	☐	☒								

Analysieren bzw. Re-Analysieren von Daten

Einführung Die Datenanalyse mit Hilfe der Sequenzanalyse-Software

Die Probendatei enthält dann keine analysierten Daten, wenn:

- ♦ Beim Einrichten des Plate Records kein Analysemodul festgelegt wurde. (Siehe Schritt 6 auf Seite 2-19.)
- ♦ Im Dialogfeld Preferences (Benutzeroptionen) das Kontrollkästchen AutoAnalysis On (Auto-Analyse aktiviert) nicht ausgewählt wurde. (Siehe Seite 2-7.)

Falls die Probendatei keine analysierten Daten enthält, muss die Datei gemäß des nachfolgenden Verfahrens analysiert werden.

Re-Analysieren von Daten mit Hilfe der Sequenzanalyse-Software

Die vom AutoAnalyzer verwendeten Analyseparameter werden durch die SequenzAnalysemodul-Dateien festgelegt. (Diese Moduldateien tragen die Dateierweiterung .saz.)

Die Probendateien sollten dann mit Hilfe der Sequenzanalyse-Software erneut analysiert werden, wenn:

- ♦ bei der Einrichtung des Plate Records die falsche Analysemodul-Datei gewählt wurde. (Siehe Schritt 6 auf Seite 2-19.)
- ♦ die Auswirkung veränderter Analyseparameter auf die Daten erprobt werden soll.

Analysieren bzw. Re-Analysieren von Probendateien

Zum Analysieren bzw. Re-Analysieren von Probendateien folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme									
1	Fügen Sie die zu analysierenden Dateien dem Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) hinzu. Hinweis Anweisungen zum Hinzufügen von Dateien zum Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) bieten die Schritte 1–4 auf den Seiten 3-6 bis 3-7.									
2	Markieren Sie für alle zu analysierenden Probendateien das Kontrollkästchen A. Hinweis Drücken Sie STRG+D, den Abwärts-Füll-Befehl, um eine Spalte für alle Probendateien auszufüllen. <table><tr><td>A</td><td>F</td><td>P</td></tr><tr><td>☒</td><td>☐</td><td>☐</td></tr><tr><td>☒</td><td>☐</td><td>☐</td></tr></table>	A	F	P	☒	☐	☐	☒	☐	☐
A	F	P								
☒	☐	☐								
☒	☐	☐								

Zum Analysieren bzw. Re-Analysieren von Probendateien folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme															
3	Soll auf die Probendatei die Factura-Verarbeitung angewendet werden, markieren Sie das Kontrollkästchen F und wählen Sie eine geeignete Datei aus der Liste Factura Settings File (Factura-Einrichtungsdatei). <table border="1"><thead><tr><th>A</th><th>F</th><th>P</th></tr></thead><tbody><tr><td>☒</td><td>☒</td><td>☐</td></tr><tr><td>☒</td><td>☒</td><td>☐</td></tr></tbody></table><table border="1"><thead><tr><th colspan="2">Factura Settings File</th></tr></thead><tbody><tr><td>FSFfile</td><td></td></tr><tr><td>FSFfile</td><td></td></tr></tbody></table> Weitere Angaben zur Factura-Verarbeitung enthält die <i>Bedienungsanleitung für die ABI PRISM-DNA-Sequenzanalyse-Software</i>.	A	F	P	☒	☒	☐	☒	☒	☐	Factura Settings File		FSFfile		FSFfile	
A	F	P														
☒	☒	☐														
☒	☒	☐														
Factura Settings File																
FSFfile																
FSFfile																
4	Markieren Sie das Kontrollkästchen P nur dann, wenn alle Probendateien unmittelbar nach der Analyse ausgedruckt werden sollen. (Nicht zu empfehlen.) Falls Sie das Kontrollkästchen P markieren, sollten Sie sicherstellen, dass die korrekten Druckoptionen gewählt sind. Zeigen Sie zum Anzeigen der Druckoptionen im Menü Edit (Bearbeiten) auf Preferences (Benutzeroptionen) und wählen Sie Printing Preferences (Druckoptionen).															
5	Überprüfen Sie die Einstellungen im Fenster Sample Manager (Probenverwaltung). Weitere Informationen enthält die Tabelle „Analyseeinrichtung“ im Folgenden.															
6	Vergewissern Sie sich, dass die Datei DyeSet/Primer (Filterset/Primer) für Ihre Sequenzierungsmethode geeignet ist. Bei der Datei DyeSet/Primer (Filterset/Primer) handelt es sich um dieselbe Datei wie die in Schritt 3 auf Seite 2-17 gewählte Mobilitätsdatei.															
7	Klicken Sie auf die Schaltfläche Start.															
8	Überprüfen Sie die analysierten Daten. Ändern Sie erforderlichenfalls die Analyseparameter und analysieren Sie erneut.															

Analyseeinrichtung im Fenster Sample Manager (Probenverwaltung)

Analyseeinrichtung

Objekt	Beschreibung
Basecaller (Basenidentifizierung)	Es gibt zwei Basenidentifizierungsoptionen: ♦ Basecaller-3100.bcp (standardmäßige Sequenzierung, Spacing-(Abstands-)Bereich 10–15) ♦ Basecaller-3100RRv2.bcp (Sequenzierung mit Schnellablesung, Spacing-(Abstands-)Bereich 15–22)
Spacing (Abstand)	Der Abstand sollte den für die Basenidentifizierung verwendeten Abständen entsprechen. Die Abstandswerte werden normalerweise automatisch berechnet; Sie können diese Werte jedoch überschreiben, indem Sie in das Feld Spacing (Abstand) einen neuen Wert eingeben.

Analyseeinrichtung (Fortsetzung)

Objekt	Beschreibung
Basecaller Settings (Basenidentifizierungsoptionen)	Der Parameter Basecaller Settings (Basenidentifizierungsoptionen) kann dazu verwendet werden, die Analyse vor dem Erreichen des unter Sample Manager (Probenverwaltung) eingestellten Stop Point (Stopp-Punkt) abubrechen. Öffnen Sie zum Anwenden der Basenidentifizierungsoptionen die Seite Basecaller Settings Preference (Basenidentifizierungsoptionen), indem Sie im Menü Edit (Bearbeiten) auf Preferences (Benutzeroptionen) zeigen und anschließend Basecaller Settings (Basenidentifizierungsoptionen) wählen. (Standardmäßig wird kein Endpunkt angewendet.)
Peak 1 Location (Lage von Peak 1)	Dieser Datenpunkt markiert den ersten Basen-Peak der Daten. Weitere Angaben zum Ermitteln der optimalen Lage von Peak 1 enthält die <i>Bedienungsanleitung für die ABI PRISM-DNA-Sequenzanalyse-Software</i> .
Start Point (Startpunkt)	Bei dieser Scan-Nummer beginnt die Basenidentifizierung. Standardmäßig handelt es sich hierbei um dieselbe Position wie Peak 1 Location (Lage von Peak 1), Sie können jedoch eine höhere Nummer wählen.
Stop Point (Stopp-Punkt)	Bei dieser Scan-Nummer wird die Basenidentifizierung gestoppt. Standardmäßig handelt es sich hierbei um den letzten Punkt der Probendatei, Sie können jedoch eine kleinere Nummer eingeben, falls Sie dies wünschen.
DyeSet/Primer File (Filterset/Primer-Datei)	Hierbei handelt es sich um die bei der Datenanalyse verwendete Mobilitätsdatei.
Factura Settings File (Factura-Einrichtungsdatei)	Diese Datei enthält die Parameter für die Factura-Verarbeitung.

Spatial- und Spectral-Kalibrierung

4

Überblick

In diesem Kapitel Dieses Kapitel befaßt sich mit folgenden Themen:

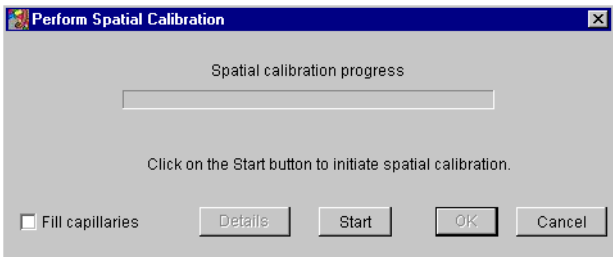
Thema	Siehe Seite
Durchführen einer Spatial-(Abstand-)Kalibrierung	4-2
SpectralDurchführung einer Spectral-(Spektrum-)Kalibrierung	4-6

Durchführen einer Spatial-(Abstand-)Kalibrierung

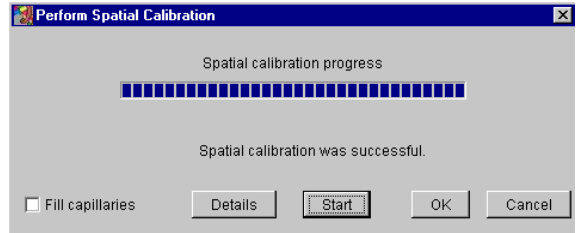
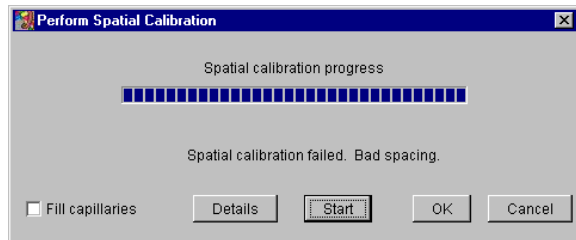
- Zweck der Spatial-Kalibrierung**
- Eine Spatial-(Abstand-)Kalibrierung ist stets dann durchzuführen, wenn:
- ♦ ein Kapillaren-Array installiert oder ausgetauscht wurde
 - ♦ das Kapillaren-Array vorübergehend aus dem Detektionsblock entfernt wurde.

Durchführen einer Spatial-Kalibrierung

Zum Durchführen einer Spatial-Kalibrierung folgendermaßen vorgehen:

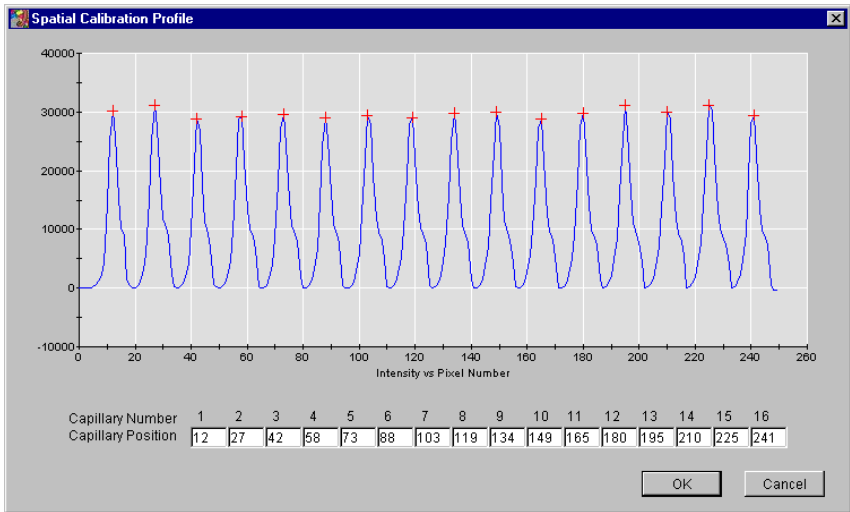
Schritt	Maßnahme
1	Wählen Sie aus dem Menü Tools (Utensilien) die Option Perform Spatial Calibration (Abstand-Kalibrierung durchführen). Es erscheint das folgende Dialogfeld: 
2	Markieren Sie das Kontrollkästchen Fill capillaries (Kapillaren füllen), wenn: ♦ die Kapillaren kein Polymer enthalten (<i>d.h.</i> bei einem neuen Kapillaren-Array) oder ♦ das in den Kapillaren befindliche Polymer bereits in einem Lauf verwendet wurde. Hinweis Die Kapillaren brauchen nicht bei jeder Spatial-Kalibrierung gefüllt zu werden.
3	Klicken Sie auf Start. Die Kalibrierung dauert etwa: ♦ 2 Min., wenn die Kapillaren nicht gefüllt werden. ♦ 8,5 Min., wenn die Kapillaren gefüllt werden.

Zum Durchführen einer Spatial-Kalibrierung folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

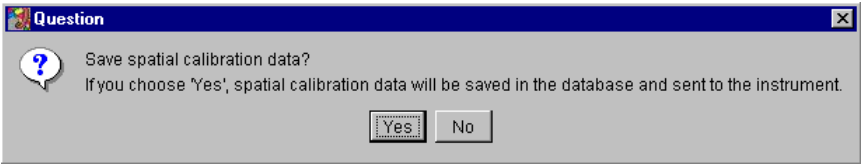
Schritt	Maßnahme	
4	Bei...	folgendermaßen vorgehen:
	erfolgreicher Kalibrierung	Es erscheint das folgende Dialogfeld:  a. Klicken Sie auf Details, um das Fenster Spatial Calibration Profile (Abstand-Kalibrierungsprofil) aufzurufen. b. Fahren Sie fort mit „Anzeigen von Erfolgsresultaten und Speichern der Daten“ im Folgenden.
4	fehlgeschlagener Kalibrierung	Es erscheint ein Fehlermeldungsfeld mit Informationen bezüglich der Ursache des Fehlschlagens.  a. Klicken Sie auf Details, um das Fenster Spatial Calibration Profile (Abstand-Kalibrierungsprofil) aufzurufen. b. Gehen Sie auf eine der folgenden Weisen vor: – Klicken Sie auf Cancel (Abbruch) und anschließend auf Start, um die Kalibrierung zu wiederholen. – Wenden Sie die auf Seite 4-5 beschriebenen Abhilfemaßnahmen an.

Anzeigen von Erfolgsresultaten und Speichern der Daten

Zum Anzeigen der Resultate der Spatial-Kalibrierung und Speichern der Daten folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme						
1	Werten Sie das Spatial-Kalibrierungsprofil aus. Hinweis Angaben bezüglich der Profilauswertung enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i> (Bestell-Nr. 4315834).  Klicken Sie anschließend auf OK, um das Feld Spatial Calibration Profile (Abstand-Kalibrierungsprofil) zu schließen.						
2	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Ist das Spatial-Kalibrierungsprofil...</th><th>folgendermaßen vorgehen:</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>zufrieden stellend</td><td>Fahren Sie mit Schritt 3 fort.</td></tr> <tr> <td>nicht zufrieden stellend</td><td> a. Klicken Sie auf Cancel (Abbruch), um das Feld Details zu schließen und anschließend auf Start, um die Kalibrierung zu wiederholen, oder b. Verschieben Sie mindestens eines der roten Kreuzchen. Ändern Sie zum Verschieben eines Kreuzchens den Wert im Feld Capillary Position (Kapillarenposition) und klicken Sie anschließend außerhalb dieses Felds. Fällt die Kalibrierung auch weiterhin nicht zufrieden stellend aus, siehe „Bei Fehlschlägen der Kalibrierung“ auf Seite 4-5. </td></tr> </tbody> </table>	Ist das Spatial-Kalibrierungsprofil...	folgendermaßen vorgehen:	zufrieden stellend	Fahren Sie mit Schritt 3 fort.	nicht zufrieden stellend	a. Klicken Sie auf Cancel (Abbruch), um das Feld Details zu schließen und anschließend auf Start, um die Kalibrierung zu wiederholen, oder b. Verschieben Sie mindestens eines der roten Kreuzchen. Ändern Sie zum Verschieben eines Kreuzchens den Wert im Feld Capillary Position (Kapillarenposition) und klicken Sie anschließend außerhalb dieses Felds. Fällt die Kalibrierung auch weiterhin nicht zufrieden stellend aus, siehe „Bei Fehlschlägen der Kalibrierung“ auf Seite 4-5.
Ist das Spatial-Kalibrierungsprofil...	folgendermaßen vorgehen:						
zufrieden stellend	Fahren Sie mit Schritt 3 fort.						
nicht zufrieden stellend	a. Klicken Sie auf Cancel (Abbruch), um das Feld Details zu schließen und anschließend auf Start, um die Kalibrierung zu wiederholen, oder b. Verschieben Sie mindestens eines der roten Kreuzchen. Ändern Sie zum Verschieben eines Kreuzchens den Wert im Feld Capillary Position (Kapillarenposition) und klicken Sie anschließend außerhalb dieses Felds. Fällt die Kalibrierung auch weiterhin nicht zufrieden stellend aus, siehe „Bei Fehlschlägen der Kalibrierung“ auf Seite 4-5.						

Zum Anzeigen der Resultate der Spatial-Kalibrierung und Speichern der Daten folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme						
3	Klicken Sie auf OK, um das Dialogfeld Perform Spatial Calibration (Abstand-Kalibrierung durchführen) zu schließen. Es wird das Dialogfeld Question (Frage) aufgerufen. 						
4	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Zum...</th><th>folgendermaßen vorgehen:</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Speichern dieser Kalibrierungsdaten in der Datenbank der 3100 Data Collection-Software</td><td>Klicken Sie auf Yes (Ja).</td></tr> <tr> <td>Löschen dieser Daten und Heranziehen der Daten eines vorhergehenden Laufs</td><td> a. Klicken Sie auf No (Nein). b. Übergehen Sie die aktuellen Spatial-Kalibrierungsdaten. Anweisungen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i>. </td></tr> </tbody> </table>	Zum...	folgendermaßen vorgehen:	Speichern dieser Kalibrierungsdaten in der Datenbank der 3100 Data Collection-Software	Klicken Sie auf Yes (Ja).	Löschen dieser Daten und Heranziehen der Daten eines vorhergehenden Laufs	a. Klicken Sie auf No (Nein). b. Übergehen Sie die aktuellen Spatial-Kalibrierungsdaten. Anweisungen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i>.
Zum...	folgendermaßen vorgehen:						
Speichern dieser Kalibrierungsdaten in der Datenbank der 3100 Data Collection-Software	Klicken Sie auf Yes (Ja).						
Löschen dieser Daten und Heranziehen der Daten eines vorhergehenden Laufs	a. Klicken Sie auf No (Nein). b. Übergehen Sie die aktuellen Spatial-Kalibrierungsdaten. Anweisungen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i>.						

Bei Fehlschlagen der Kalibrierung

Sollte die Kalibrierung fehlschlagen oder falls das Erscheinungsbild des vorangegangenen Kalibrierungsprofils nicht optimal ist, können eine oder mehrere der folgenden Abhilfemaßnahmen angewendet werden:

- ♦ Kalibrierung wiederholen.
- ♦ Kapillaren mit Polymer füllen und anschließend die Kalibrierung wiederholen.
- ♦ Das Array-Fenster säubern und anschließend die Kalibrierung wiederholen.
- ♦ Das Array-Fenster in der Detektionszelle umpositionieren und anschließend die Kalibrierung wiederholen.

SpectralDurchführung einer Spectral-(Spektrum-)Kalibrierung

Einführung Die Durchführung einer Spectral-Kalibrierung umfasst drei Hauptaufgaben:

- ♦ Einrichtung der Standards
- ♦ Starten der Spectral-Kalibrierung
- ♦ Überprüfen der Spectral-Kalibrierung

Hinweis In diesem Abschnitt wird die Durchführung einer Spectral-Kalibrierung für Filterset E anhand des Matrix-Standardsatzes DS-01 beschrieben. Bezüglich Angaben zur Durchführung einer Spectral-Kalibrierung für ein anderes Filterset, siehe die *Bedienungsanleitung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100*.

Die Spectral-Kalibrierung dient zum Erstellen einer Matrix zur Korrektur von Überlagerungen der Fluoreszenz-Emissionsspektren der Farbstoffe. Die Anwendung dieser Matrix auf die Rohdaten wird als Multikomponentenverarbeitung bezeichnet. Eine ausführlichere Erläuterung der Spectral-Kalibrierung enthält die *Bedienungsanleitung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100*.

Zweck der Spectral-Kalibrierung Eine Spectral-Kalibrierung ist stets dann durchzuführen, wenn:

- ♦ am Gerät ein neues Filterset verwendet wird
- ♦ der Laser bzw. die CCD-Kamera von einem Kundendiensttechniker neu justiert wurde
- ♦ erste Anzeichen einer verringerten Spectraltrennung ersichtlich sind („Pull-up“- und/oder „Pull-Down“-Peaks)

Vorbereitung des Matrix-Standards für die Matrizen des Filtersets E Zum Vorbereiten des Matrix-Standards für die Matrizen des Filtersets E folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme								
1	Tauen Sie das Röhrchen mit dem Matrix-Standard DS-01 (Bestell-Nr. 4315974) vollständig auf und mischen Sie gründlich.								
2	Zentrifugieren Sie die Röhrchen kurzzeitig in einer Mikrozentrifuge.								
3	Bereiten Sie den Matrix-Standardsatz DS-01 für das Filterset E zu, indem Sie die folgenden Komponenten in ein beschriftetes 1,5-mL-Mikrozentrifugenröhrchen geben: <table border="1"><thead><tr><th>Reagenz</th><th>Volumen (µL)</th></tr></thead><tbody><tr><td>Matrix-Standardsatz DS-01 (dROX, dTAMRA, dR6G, dR110)</td><td>5</td></tr><tr><td>Hi-Di™-Formamid (Bestell-Nr. 4311320)</td><td>195</td></tr><tr><td>Endgültiges Volumen</td><td>200</td></tr></tbody></table> ⚠ WARNUNG CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. Formamid ist bei Hautabsorption schädlich und kann Augen, Haut und Atemwege reizen. Es kann das Zentralnervensystem sowie männliche und weibliche Fortpflanzungsorgane schädigen und eventuell angeborene Missbildungen verursachen. Bitte das Sicherheitsdatenblatt einsehen und die Handhabungsanweisungen befolgen. Entsprechende Schutzbrille, Schutzkleidung und Schutzhandschuhe tragen.	Reagenz	Volumen (µL)	Matrix-Standardsatz DS-01 (dROX, dTAMRA, dR6G, dR110)	5	Hi-Di™-Formamid (Bestell-Nr. 4311320)	195	Endgültiges Volumen	200
Reagenz	Volumen (µL)								
Matrix-Standardsatz DS-01 (dROX, dTAMRA, dR6G, dR110)	5								
Hi-Di™-Formamid (Bestell-Nr. 4311320)	195								
Endgültiges Volumen	200								
4	Gründlich vortexen.								

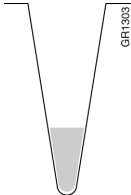
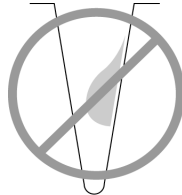
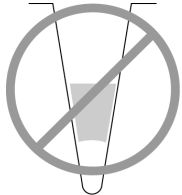
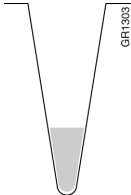
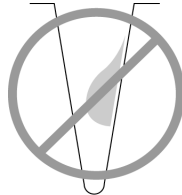
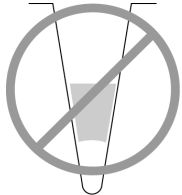
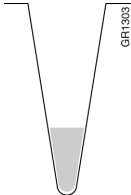
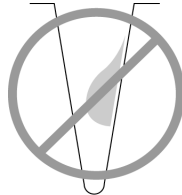
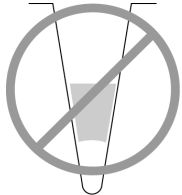
Zum Vorbereiten des Matrix-Standards für die Matrizen des Filtersets E folgendermaßen vorgehen: *(Fortsetzung)*

Schritt	Maßnahme
5	Zentrifugieren Sie die Mischung kurz in einer Mikrozentrifuge.
6	Erhitzen Sie das Standardröhrchen 3–5 Min. lang auf 95 °C, um die DNA zu denaturieren.
7	Legen Sie die Röhrchen sofort 2 Min. lang auf Eis.

Laden der Standards Zum Laden des Standards folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Geben Sie 10 µL des denaturierten Matrix-Standards in: ♦ eine Platte mit 96 Vertiefungen (96-well plate) (in die Vertiefungen A1 bis H2, wie abgebildet): GR1315b ♦ eine Platte mit 384 Vertiefungen (384-well plate) (in die Vertiefungen A1, A3, C1, C3, E1, E3 usw., wie abgebildet): GR1316b

Zum Laden des Standards folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme						
2	Zentrifugieren Sie die Platte, bis sich jeder Standard am Boden der jeweiligen Vertiefung befindet. Die Proben sollten: <table><tr><th>So aussehen...</th><th>Nicht so aussehen...</th><th>Nicht so aussehen...</th></tr><tr><td> Die Probe befindet sich korrekt am Boden der Vertiefung. </td><td> Die Probe befindet sich an der Seitenwand, da die Platte nicht zentrifugiert wurde. </td><td> Am Boden der Vertiefung befindet sich eine Luftblase, da die Platte nicht: ♦ kräftig genug zentrifugiert wurde, oder ♦ nicht lang genug zentrifugiert wurde. </td></tr></table>	So aussehen...	Nicht so aussehen...	Nicht so aussehen...	 Die Probe befindet sich korrekt am Boden der Vertiefung.	 Die Probe befindet sich an der Seitenwand, da die Platte nicht zentrifugiert wurde.	 Am Boden der Vertiefung befindet sich eine Luftblase, da die Platte nicht: ♦ kräftig genug zentrifugiert wurde, oder ♦ nicht lang genug zentrifugiert wurde.
So aussehen...	Nicht so aussehen...	Nicht so aussehen...					
 Die Probe befindet sich korrekt am Boden der Vertiefung.	 Die Probe befindet sich an der Seitenwand, da die Platte nicht zentrifugiert wurde.	 Am Boden der Vertiefung befindet sich eine Luftblase, da die Platte nicht: ♦ kräftig genug zentrifugiert wurde, oder ♦ nicht lang genug zentrifugiert wurde.					

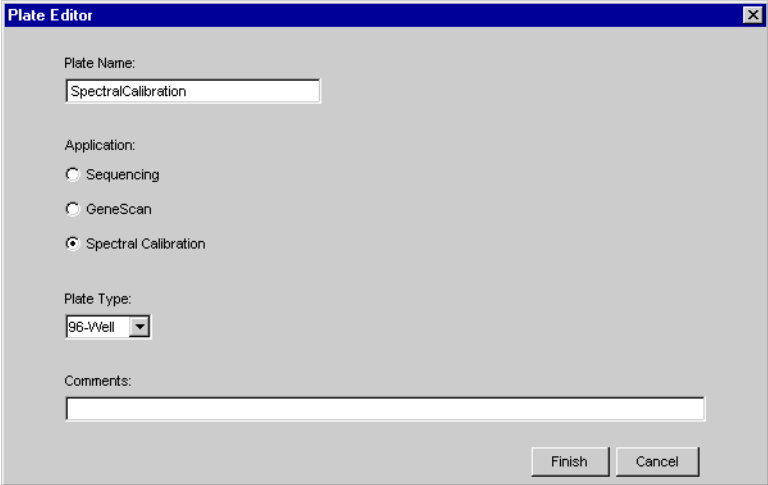
Vorbereitung der Platte und des Geräts

Die Anweisungen auf den Seiten 2-8 bis 2-14 befolgen, um Folgendes durchzuführen:

- ♦ Zusammenstellung der Platten.
- ♦ Überprüfung und Auffüllen der Geräte-Lösungen.
- ♦ Platzierung der Platte im Autosampler.

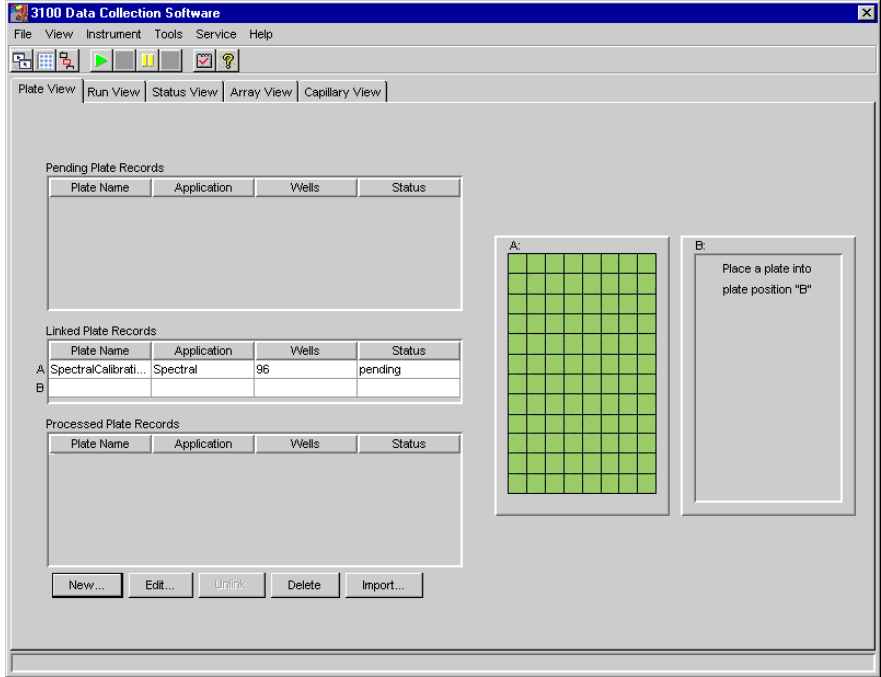
Erstellung eines Plate Records

Zum Erstellen eines Plate Records für die denaturierten Matrix-Standards folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie in der Seite Plate View (Plattenanzeige) der 3100 Data Collection-Software auf New (Neu). Damit wird das Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung) aufgerufen.
2	Gehen Sie im Dialogfeld Plate Editor (Plattenbearbeitung) folgendermaßen vor: - Geben Sie der Platte einen Namen. - Wählen Sie Spectral Calibration (Spectral-Kalibrierung). - Vergewissern Sie sich, dass die korrekte Plattengröße gewählt wurde.  - Klicken Sie auf Finish (Fertig). Damit wird das Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung) aufgerufen.
3	Tragen Sie in das Tabellenprogramm Plate Editor (Plattenbearbeitung) die von Ihnen geladenen Vertiefungen ein: - Geben Sie einen Namen für die Proben ein. - Wählen Sie Dye Set E (Filterset E). - Wählen Sie das entsprechende Laufmodul für die Größe des verwendeten Kapillaren-Arrays: – 36 cm: Spect36_POP6DefaultModule – 50 cm: Spect50_POP6DefaultModule - Wählen Sie die Spektrumparameter MtxStd{Sequencing-SetE}.par. - Klicken Sie auf OK. WICHTIG Vergewissern Sie sich, dass die korrekte Spektrumparameter-Datei für die im Lauf zum Einsatz kommenden Farbstofftypen ausgewählt wurden. Bei Auswahl der falschen Parameterdatei schlägt die Spectral-Kalibrierung fehl. Hierdurch wird in der Datenbank ein Plate Record für die angewandte Kalibrierung erstellt. Nach einigen Sekunden erscheint der Eintrag für den Plate Record in der Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) der Seite Plate Setup (Platteneinrichtung).

Verknüpfung der Platte

Zum Verknüpfen der Platte folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Wählen Sie aus der Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) den soeben von Ihnen erstellten Plate Record.
2	Klicken Sie auf diejenige grafische Plattendarstellung, die der im Autosampler befindlichen Platte entspricht.  Hinweis Wenn eine Platte verknüpft wird: – wechselt die Farbe der Grafik von Gelb zu Grün. – wird der Plate Record aus der Tabelle Pending Plate Records (Anstehende Plate Records) in die Tabelle Linked Plate Records (Verknüpfte Plate Records) verschoben. (Dies kann bis zu 30 Sek. dauern.) – wird die Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf) in der Utensilienleiste aktiviert. Damit ist das Gerät für den Lauf bereit.

Starten der Kalibrierung

Zum Starten der Kalibrierung folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Falls Sie vor Beginn des Laufs den Laufplan einsehen möchten, klicken Sie auf das Register Run View (Laufanzeige).
2	Klicken Sie in der Utensilienleiste auf die Schaltfläche Run Instrument (Gerätelauf), um den Lauf zu starten.

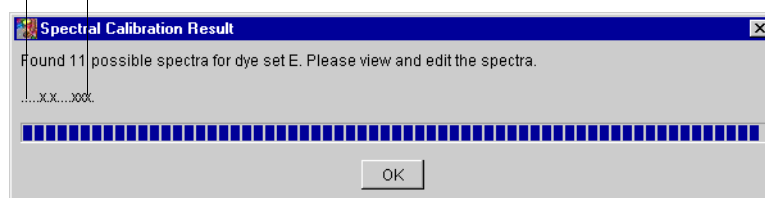
Laufdauer In der folgenden Tabelle sind die Laufdauern für Spectral-Kalibrierungen aufgeführt:

Länge des Kapillaren-Arrays (cm)	Approximate Run Time (Min.)
36	40
50	65

Feld für das Spectral-Kalibrierungsresultat Am Abschluß des Laufs wird — während der Analyse der Daten — das Feld Spectral Calibration Result (Spectral-Kalibrierungsergebnis) aufgerufen, das angibt, welche Kapillaren die Kalibrierung bestanden haben und welche nicht.

Kapillare hat bestanden (.)

Kapillare hat nicht bestanden (X)



Zum Bestätigen des abgeschlossenen Kalibrierungslaufs folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Klicken Sie im Feld Spectral Calibration Result (Spectral-Kalibrierungsergebnis) auf OK .

WICHTIG Überprüfen und beurteilen Sie das Spectral-Kalibrierungsprofil jeder einzelnen Kapillare, auch wenn das Feld Spectral Calibration Results (Spectral-Kalibrierungsergebnisse) angibt, dass alle bestanden haben. Siehe hierzu die *Bedienungsanleitung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100*.

Wenn eine Kapillare die Kalibrierung nicht besteht

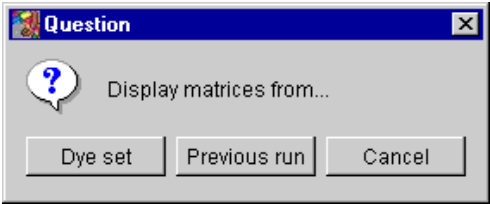
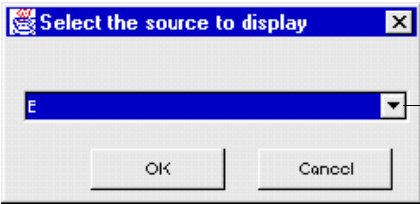
Falls eine Kapillare die Kalibrierung nicht besteht, wird ihr automatisch das Spectralprofil der nächsten linker Hand gelegenen Kapillare mit bestandener Kalibrierung zugewiesen. Sollten links keine Kapillaren mit bestandener Kalibrierung vorhanden sein, wird der Kapillare das Spectralprofil der nächsten rechter Hand gelegenen Kapillare mit bestandener Kalibrierung zugewiesen. Diese Kapillaren sind im Fenster Array View (Array-Anzeige) gelb markiert anstatt grün (wie z.B. auf Seite 3-3).

WICHTIG Für Anwendungen, bei denen „Pull-up“- bzw. „Pull-Down“-Peaks zu schwer wiegenden Fehlern führen würden, empfehlen wir die Wiederholung der Spectral-Kalibrierung sowie die Anwendung einer individuellen Spectral-Kalibrierung für jede einzelne Kapillare.

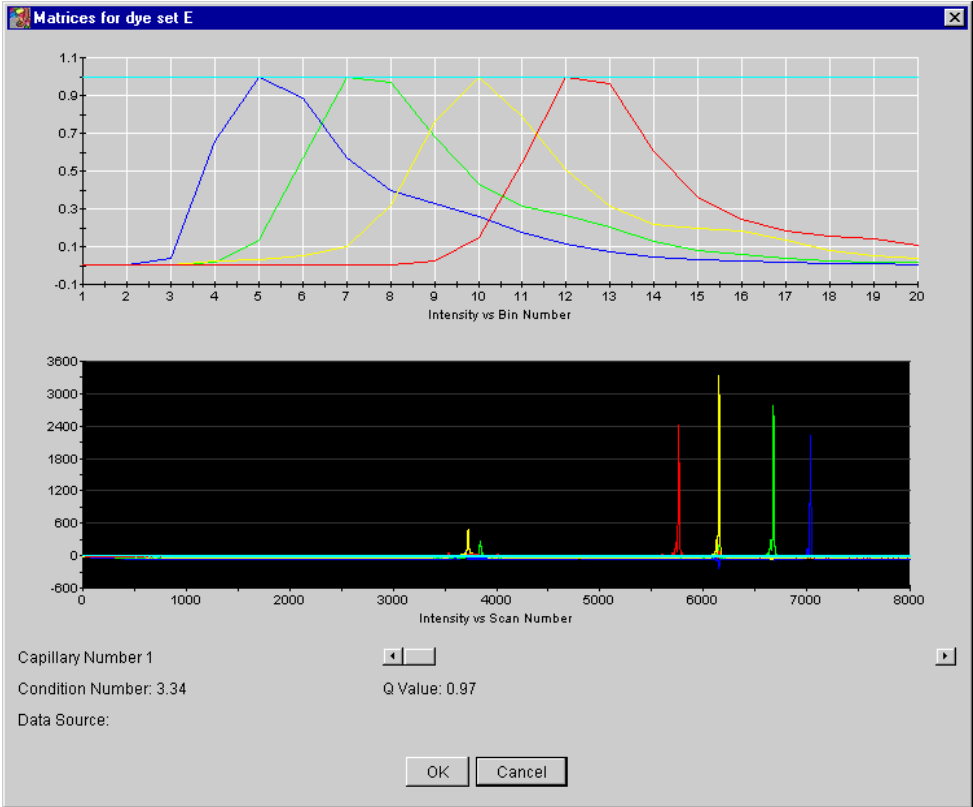
**Überprüfung eines
Spectral-Kalibrie-
rungsprofils für
Filterset E**

Nach dem Abschluss der Spectral-Kalibrierung sollte optimalerweise die Qualität der Spektraldaten für die einzelnen Kapillaren überprüft werden.

Zum Anzeigen des aktuell gespeicherten Kalibrierungsprofils eines Filtersets folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Wählen Sie aus dem Menü Tools (Utensilien) die Option Display Spectral Calibration (Spectral-Kalibrierung anzeigen).  Es wird das Dialogfeld Question (Frage) aufgerufen. 
2	Klicken Sie auf Dye set (Filterset). Damit wird das Dialogfeld Select the source to display (Anzuzeigende Quelle auswählen) aufgerufen.  Dropdown-Liste der Filtersets

Zum Anzeigen des aktuell gespeicherten Kalibrierungsprofils eines Filtersets folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme
3	Wählen Sie Filterset E und klicken Sie auf OK. Damit wird das Feld Matrices for dye set E (Matrizen für Filterset E) aufgerufen.
	
4	Sehen Sie mit Hilfe der Pfeiltasten oder der Schiebeleiste die Daten jeder Kapillare ein. Bei einer qualitativ zufrieden stellenden Kalibrierung sollte die Kalibrierung jeder einzelnen Kapillare Folgendes aufweisen: ♦ einen Q-Wert von mehr als 0,95 ♦ eine Konditionsnummer von 3–5.
5	Klicken Sie zum Schließen des Felds auf Cancel (Abbruch). Hinweis Die Software übergeht Kapillaren mit nicht bestandener Kalibrierung automatisch. Falls Ihnen jedoch ein bestimmtes Profil nicht zusagt, können Sie dieses durch ein Profil Ihrer Wahl ersetzen. Weitere Informationen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100</i>.

Gerätewartung

5

Überblick

In diesem Kapitel Dieses Kapitel enthält Angaben zu Wartungsmaßnahmen für Ihren ABI PRISM®-Gen-Analysator 3100.

Thema	Siehe Seite
Wartungspläne	5-2
Beseitigung von Luftblasen aus dem oberen Polymerblock	5-4
Überprüfen der verfügbaren Speicherkapazität	5-5
Reinigung und Inspektion der Spritzen	5-7
Ausbau der Polymerblöcke	5-9
Reinigung der Polymerblöcke	5-10
Laden von frischem Polymer in das Gerät	5-11
Vor der Installation eines zuvor verwendeten Kapillaren-Arrays	5-12
Installation und Ausbau des Kapillaren-Arrays	5-13
Aufbewahrung der Kapillaren-Arrays	5-14
Stilllegen des Geräts	5-15

Wartungspläne

Überblick In diesem Abschnitt sind die generellen Maßnahmen aufgeführt, die zur Erhaltung des einwandfreien Betriebszustands des Gen-Analysators 3100 erforderlich sind. Die Maßnahmen sind je nach ihrer Häufigkeit in verschiedenen Listen zu finden.

Tägliche Maßnahmen Mindestens einmal täglich durchzuführen.

Wartungsmaßnahme	Häufigkeit	Siehe...
Sicherstellen, dass die Reservoirsepte fest und flach sitzen.	Vor jedem Lauf	—
Sicherstellen, dass die Platteneinheiten korrekt zusammengestellt wurden. WICHTIG Die Öffnungen der Plattenhalterung müssen mit den Öffnungen des Septumstreifens ausgerichtet sein, da es ansonsten zur Beschädigung der Kapillarenspitzen kommt.	Vor jedem Lauf	Seite 2-8
Sicherstellen, dass die Platteneinheiten korrekt auf dem Plattendeck platziert sind. Die Platten sollten schlüssig auf dem Deck sitzen. WICHTIG Niemals verzogene Platten verwenden.	Vor jedem Lauf	—
Die Reservoirs für Wasser und 1X 3100-Laufpuffer am Gerät auffüllen.	Täglich bzw. vor jedem Lauf	Seite 2-10
Im Hinblick auf Blasen im Polymerblock und den Polymerblockgängen überprüfen und diese ggf. beseitigen.	Täglich bzw. vor jedem Lauf	Seite 5-4
Das Kopfteil am Ladeende überprüfen, um sicherzustellen, dass die Kapillarenspitzen nicht gequetscht oder beschädigt sind.	Täglich bzw. vor jedem Lauf	—
Den Füllstand des Polymers in der Polymer-Reservespritze überprüfen, um sicherzustellen, dass mindestens 1 mL vorliegt.	Täglich bzw. vor jedem Lauf	—
Den Polymerblock im Hinblick auf dessen festen Sitz am Gerät überprüfen.	Täglich	—
Die Geräteoberflächen reinigen.	Täglich	—
Überprüfen, ob um den Polymerblock herum getrocknetes Polymer vorliegt und dieses ggf. entfernen.	Täglich	—
Das Umfeld der Spritzen und Schraubenmutter im Hinblick auf Lecks inspizieren.	Täglich	—
Die verfügbare Speicherkapazität der Festplatte feststellen. Plate Records aus der Gerätedatenbank löschen und Probendateien archivieren.	Täglich	Seite 5-5

**Wöchentliche
Maßnahmen**

Mindestens einmal pro Woche durchzuführen.

Wartungsmaßnahme	Häufigkeit	Siehe...
Spritzen reinigen.	Wöchentlich bzw. bei Bedarf	Seite 5-7
Wasser- und Pufferreservoirs mit warmem Wasser reinigen.	Wöchentlich	—
Oberen und unteren Polymerblock reinigen.	Wöchentlich	Seite 5-10
Polymer in Spritzen, oberem Polymerblock und Kapillaren-Array austauschen.	Wöchentlich bzw. bei Bedarf	Seite 5-11
Lagerbedingungen gebrauchter Arrays überprüfen.	Wöchentlich	—

**Bedarfsgemäße
Maßnahmen**

Bei Bedarf durchzuführen.

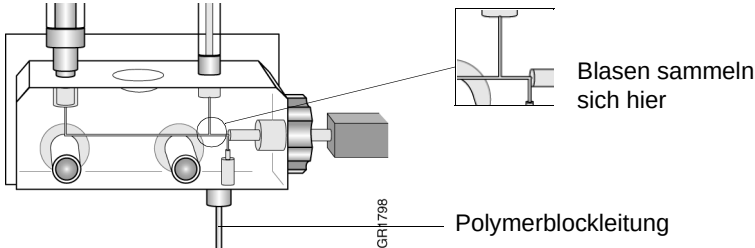
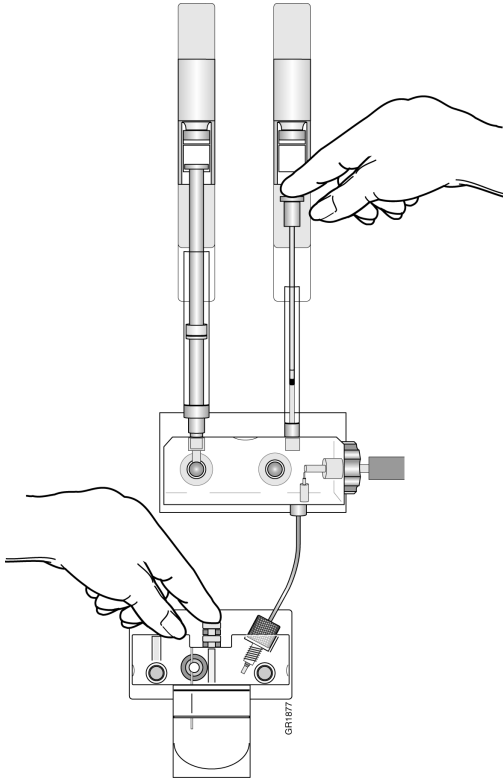
Wartungsmaßnahme	Häufigkeit	Siehe...
Auffangschalen reinigen.	Bei Bedarf	—
Array austauschen.	Bei Bedarf	Seite 5-13
Polymer von den Kapillarenspitzen entfernen. Dazu ein mit deionisiertem Wasser befeuchtetes fusselfreies Tuch verwenden.	Bei Bedarf	—
Autosampler kalibrieren.	Sehr selten	Bedienungs- anleitung

Beseitigung von Luftblasen aus dem oberen Polymerblock

Beseitigung von Luftblasen

Angaben zum Assistenten Change Polymer (Polymerwechsel) enthält die Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator.

Zum Beseitigen von Luftblasen aus dem oberen Polymerblock mit Hilfe des Wizards (Assistenten) Change Polymer (Polymerwechsel) folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Die Polymer-Reservespritze herunterdrücken, um Blasen durch den rechten unteren Teil des Blocks zu drücken. Dabei langsam drücken (oder auch klopfen), um den Polymerverbrauch zu beschränken.
2	Die Array-Füllspritze langsam herunterdrücken, um Blasen den Kanal entlang zu bewegen. Die Blasen sammeln sich am Verbindungspunkt der Kanäle. 
3	a. Das Anodenpuffer-Nadelventil heruntergedrückt halten und gleichzeitig die Array-Füllspritze langsam herunterdrücken, um Druck in den Kanälen zu erzeugen. b. Das Puffer-Nadelventil loslassen (jedoch die Array-Füllspritze weiterhin herunterdrücken), um die Blasen in die Polymerblockleitung aus zu treiben. 
4	Bei Bedarf Schritt 3 wiederholen.

Überprüfen der verfügbaren Speicherkapazität

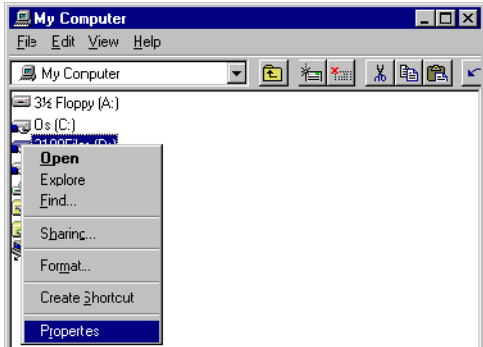
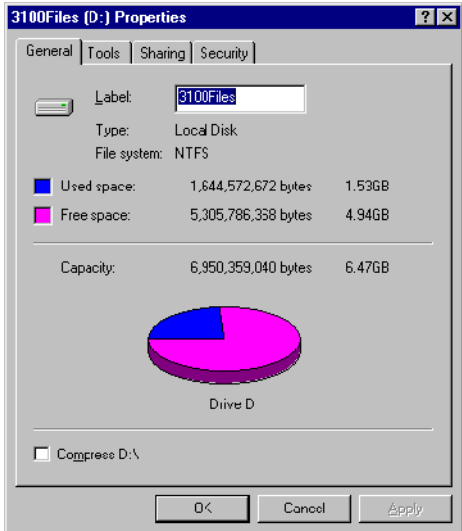
Einführung Jede Woche sicherstellen, dass genügend Festplattenspeicherplatz zum Speichern der erstellten Daten verfügbar ist.

Die folgenden Verfahren enthalten Anweisungen zum Überprüfen des verfügbaren Speicherplatzes:

- ♦ Auf der Festplatte (normalerweise Laufwerk D) — für die extrahierten Probendateien
- ♦ In der Gerätedatenbank (normalerweise in Laufwerk E) — für die Rohdaten.

Überprüfen des verfügbaren Festplattenspeicherplatzes

Zum Überprüfen des verfügbaren Festplattenspeicherplatzes im Hinblick auf ausreichende Kapazität für die Probendateien folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Führen Sie auf dem Symbol My Computer (Arbeitsplatz) auf dem Desktop einen Doppelklick aus, um die Laufwerke anzuzeigen.
2	Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf Laufwerk D und wählen Sie Properties (Eigenschaften).  Damit wird das Dialogfeld Properties (Eigenschaften) aufgerufen, das den belegten und den freien Speicherplatz anzeigt. 

Zum Überprüfen des verfügbaren Festplattenspeicherplatzes im Hinblick auf ausreichende Kapazität für die Probendateien folgendermaßen vorgehen: (Fortsetzung)

Schritt	Maßnahme						
3	Sie können anhand der folgenden Angaben abschätzen, wieviel freien Speicherplatz sie benötigen.						
	<table><tr><th>Dateityp</th><th>Ungefähr benötigter Platz pro Datei (kByte)^a</th></tr><tr><td>Analysierte Probendatei für die DNA-Sequenzanalyse</td><td>250</td></tr><tr><td>Nicht analysierte Probendatei</td><td>100</td></tr></table>	Dateityp	Ungefähr benötigter Platz pro Datei (kByte) ^a	Analysierte Probendatei für die DNA-Sequenzanalyse	250	Nicht analysierte Probendatei	100
	Dateityp	Ungefähr benötigter Platz pro Datei (kByte) ^a					
	Analysierte Probendatei für die DNA-Sequenzanalyse	250					
	Nicht analysierte Probendatei	100					
a. Die hier angeführten Werte sind lediglich Schätzwerte. Die tatsächliche Dateigröße ist abhängig vom gewählten Laufmodul.							
4	Bei unzureichend verfügbarer Kapazität folgendermaßen vorgehen: a. Archivieren Sie die Probendateien auf einem anderen Datenträger. b. Löschen Sie die Originaldateien aus dem Laufwerk.						

Überprüfen der verfügbaren Datenbankkapazität

Hinweis Die Gerätedatenbank wird automatisch um 2–9 GByte erweitert, je nach dem Umfang der zu speichernden Datenmenge.

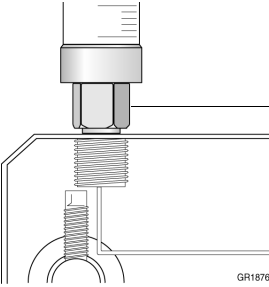
Zum Überprüfen der verfügbaren Datenbankkapazität folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Führen Sie das Dienstprogramm Diskspace (Plattenspeicherplatz) aus. Anweisungen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i> (Bestell-Nr. 4315834).
2	Falls mehr als 8 GByte belegt sind, löschen Sie einige der oder auch sämtliche gespeicherten Plate Records. Anweisungen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator 3100</i> .

Reinigung und Inspektion der Spritzen

- Zeitpunkt der Spritzenreinigung** Die Spritzen sind unter folgenden Umständen gründlich zu reinigen:
- ♦ bei jedem Ausbauen aus dem Gerät bzw. mindestens einmal pro Woche
 - ♦ bei jedem Auswechseln des Polymers, darunter auch beim Wechseln zu einer neuen Polymer-Art oder -Charge.

Ausbau der Spritzen Zum Ausbauen der Spritzen aus dem Gerät folgendermaßen vorgehen:

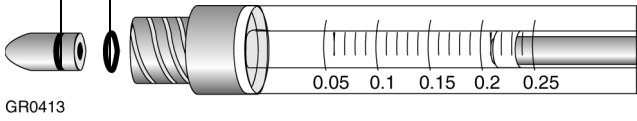
Schritt	Maßnahme
1	Die Polymer-Reservespritze dicht oberhalb des Fittings oder am Sockel fassen und entgegen dem Uhrzeigersinn drehen.  WICHTIG Sorgfältig darauf achten, dass das Fitting nicht entfernt wird. Beim Entfernen dieses Fittings könnten einige Ringe und Rückschlagventile austreten.
2	Die Array-Füllspritze fassen und entgegen dem Uhrzeigersinn drehen.
3	Polymer-Reste ordnungsgemäß entsorgen.
4	Fahren Sie fort mit „Spritzenreinigung“ im Folgenden.

Spritzenreinigung Zum Reinigen der Spritzen folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Säubern Sie die Spritze gründlich durch Spülen des Inneren und Äußeren des Spritzenzylinders und der Spritzenspitze mit warmem Wasser. Weitere Angaben zum Reinigen der Spritzen enthält die <i>Bedienungsanleitung für den ABI PRISM-Gen-Analysator</i>. ⚠ VORSICHT Kein heisses Wasser verwenden. Heisses Wasser kann zum Verziehen des Teflons der Spritzenspitze führen. WICHTIG Sicherstellen, dass in den Spritzen kein getrocknetes Polymer verbleibt.
2	Spülen Sie den Spritzenzylinder und die Spitze mit deionisiertem Wasser.
3	Mit Dosen-Druckluft trocknen.
4	Montieren Sie die Spritze wieder und inspizieren Sie sie anschließend, wie auf Seite Seite 5-8 beschrieben.

Spritzeninspektion **WICHTIG** Nach der Reinigung ist die Spritze stets im Hinblick auf fehlende O-Ringdichtungen zu inspizieren, damit es während des Laufs nicht zu Lecks kommt.

Inspizieren der Spritze:

Schritt	Maßnahme
1	Inspizieren Sie die Spritze im Hinblick auf das Vorliegen der beiden O-Ringdichtungen (Bestell-Nr. 221102): eine hinter dem Klemmring und eine um den Klemmring herum. O-Ringdichtungen  GR0413
2	Vergewissern Sie sich, dass der Klemmring fest im Spritzenende sitzt.

Ausbau der Polymerblöcke

Ausbau des oberen Polymerblocks

Zum Ausbauen des oberen Polymerblocks folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Bauen Sie die Spritzen aus, wie auf Seite 5-7 beschrieben.
2	Trennen Sie das Kapillaren-Array vom Polymerblock: a. Drücken Sie die Taste Tray (Tablett). b. Öffnen Sie die Geräte-, Heizungs- und Detektionsblocktüren. c. Lösen Sie die Mutter des Kapillaren-Arrays. d. Ziehen Sie den Polymerblock teilweise heraus. e. Entfernen Sie die Detektionszelle aus dem Detektionsblock. f. Entfernen Sie die Manschette des Kapillaren-Arrays aus dem Polymerblock. g. Soll das Kapillaren-Array erneut eingesetzt werden, verwahren Sie es, wie auf Seite 5-14 beschrieben.
3	Trennen Sie den unteren Polymerblock ab, indem Sie das rechts unten am oberen Polymerblock befindliche Fitting der Polymerblock-Leitung entfernen.
4	Fassen Sie den oberen Polymerblock mit beiden Händen und ziehen Sie ihn gerade heraus.
5	Der obere Polymerblock ist auf zwei Stahlschienen gelagert und gleitet leicht heraus, nachdem die Feder einen Kontrollpunkt passiert hat.

Ausbau des unteren Polymerblocks

Zum Ausbau des unteren Polymerblocks folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Entfernen Sie das Anodenreservoir und entsorgen Sie den Puffer ordnungsgemäß.
2	Fassen Sie den unteren Polymerblock und ziehen Sie ihn gerade heraus.
3	Ziehen Sie das Fitting aus der Polymerblock-Leitung heraus.

Reinigung der Polymerblöcke

Zeitpunkt der Polymerblock-reinigung

Die oberen und unteren Polymerblöcke sind unter folgenden Umständen zu reinigen:

- ♦ vor dem Laden des Polymers am Gerät
- ♦ wenn das Polymer sich bereits länger als 1 Woche am Gerät befindet

Hinweis Polymer, das älter als 1 Woche ist, kann aufgrund der Zersetzung von Harnstoff zu einer vorübergehenden Stromzunahme während der Elektrophorese führen.

Reinigung der Polymerblöcke

WICHTIG Die Polymerblöcke von organischen Lösungsmitteln fern halten.

Zum Waschen des oberen und unteren Polymerblocks folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Bauen Sie die Polymerblöcke aus dem Gerät aus, wie auf Seite 5-9 beschrieben.
2	Spülen Sie den oberen Polymerblock gründlich mit fließendem warmen Wasser oder warmem Wasser aus einer Spritzflasche.
3	Begutachten Sie die Kanäle im Hinblick auf weiße Rückstände (getrocknetes Polymer). Setzen Sie die Spülung der Kanäle solange fort, bis diese Rückstände verschwunden sind.
4	Spülen Sie den Block und dessen Kanäle mit deionisiertem Wasser.
5	Entfernen Sie restliches Wasser aus dem Polymerblock und den Fittings, um sicherzustellen, dass das für den Lauf verwendete Polymer nicht verdünnt wird. Blasen Sie so lange Dosen-Druckluft durch die Kanäle, bis diese trocken sind.

Reinigung des Anodenreservoirs und der Polymerleitung

Gehen Sie zum Waschen des Anodenreservoirs und der Polymerleitung folgendermaßen vor:

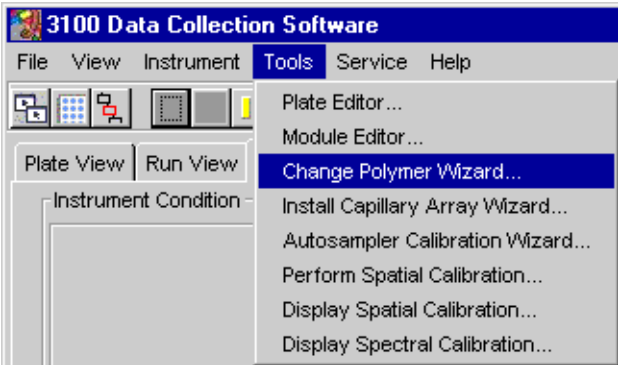
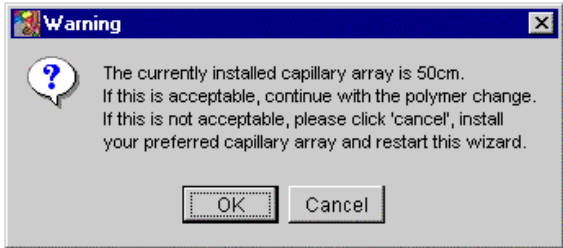
Schritt	Maßnahme
1	Spülen Sie die Polymerblockleitung mit Hilfe einer Spritzflasche mit deionisiertem Wasser aus.
2	Waschen Sie das Anodenreservoir mit warmem Wasser und spülen Sie anschließend mit deionisiertem Wasser.
3	Trocknen Sie beide Komponenten mit Dosen-Druckluft.

Laden von frischem Polymer in das Gerät

Zeitpunkt des Polymerwechsel Wir empfehlen das wöchentliche Auswechseln des Polymers. Das Polymer bleibt bei 25 °C etwa 7 Tage lang haltbar.

Zugabe bzw. Wechsel des Polymers **⚠ VORSICHT CHEMISCHE GEFÄHRDUNG.** POP kann Augen, Haut und Atemwege reizen. Bitte das Sicherheitsdatenblatt einsehen und die Handhabungsanweisungen befolgen. Entsprechende Schutzbrille, Schutzkleidung und Schutzhandschuhe tragen. Nur zu Forschungs- und Entwicklungszwecken einsetzen.

Zum Laden von frischem Polymer in das Gerät folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Wählen Sie aus dem Menü Tools (Utensilien) die Option Change Polymer Wizard (Polymerwechsel-Assistent). 
2	Daraufhin erscheint eine Warnmeldung.  Falls die Länge des gegenwärtig am Gerät befindlichen Arrays der in dieser Warnmeldung angegebenen Länge entspricht, klicken Sie auf OK, um den Wizard (Assistenten) Change Polymer (Polymerwechsel) zu starten.
3	Befolgen Sie zum Laden von frischem Polymer in das Gerät die Anweisungen des Wizards (Assistenten).

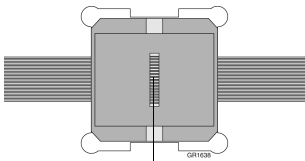
Vor der Installation eines zuvor verwendeten Kapillaren-Arrays

Einführung Vor dem Wiedereinbauen eines Kapillaren-Arrays sollte Folgendes durchgeführt werden:

- ♦ Reinigung der Vorderseite der Detektionszelle
- ♦ Überprüfung der Kathodenleiste auf Trockenheit

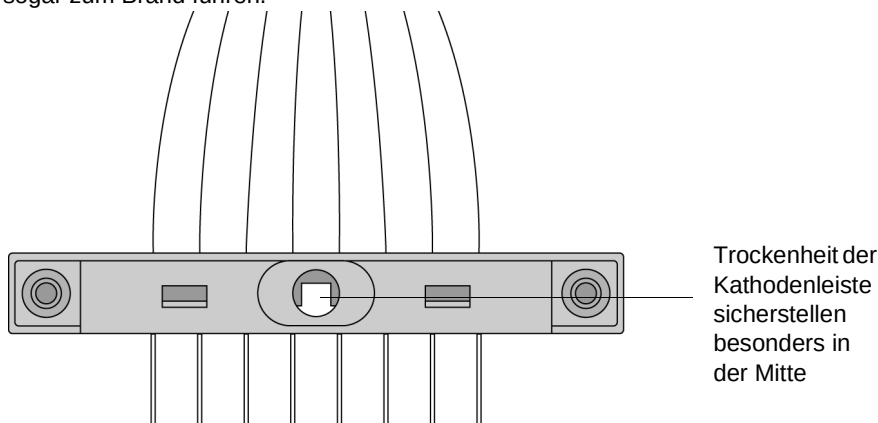
Reinigung der Detektionszelle Dieses Verfahren ist für neue Arrays nicht erforderlich, es sei denn, die Detektionszelle wurde versehentlich berührt.

Zum Reinigen der Detektionszelle folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Geben Sie einen Tropfen Methanol auf die Vorderfläche der Erfassungszelle.  Vorderfläche der Erfassungszelle ⚠ WARNUNG CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. Methanol ist als Flüssigkeit und Dampf entzündlich. Der Kontakt kann Augen, Haut und Atemwege reizen und zu Depression des Zentralnervensystems sowie zu Erblindung führen. Bitte das Sicherheitsdatenblatt einsehen und die Handhabungsanweisungen befolgen. Entsprechende Schutzbrille, Schutzkleidung und Schutzhandschuhe tragen.
2	Blasen Sie die Zelle mit sauberer Dosen-Druckluft trocken.

Überprüfung der Kathodenleiste Beim Wiedereinbau eines gebrauchten Arrays in das Gerät ist sicherzustellen, dass die Kathodenleiste trocken ist. Bei feuchter Leiste könnte es zu Spannungsüberschlägen kommen.

⚠ WARNUNG STROMSCHLAGGEFAHR / BRANDGEFAHR. Keine Feuchtigkeit in der Kathodenleiste belassen. Dies kann zu Stromschlägen oder bei unsachgemäßer Wartung sogar zum Brand führen.



Installation und Ausbau des Kapillaren-Arrays

Zeitpunkt des Kapillaren-Array-Wechsels

Das Kapillaren-Array sollte nach etwa 100 Läufen ausgetauscht werden.

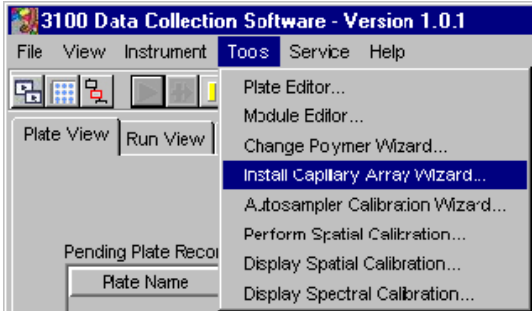
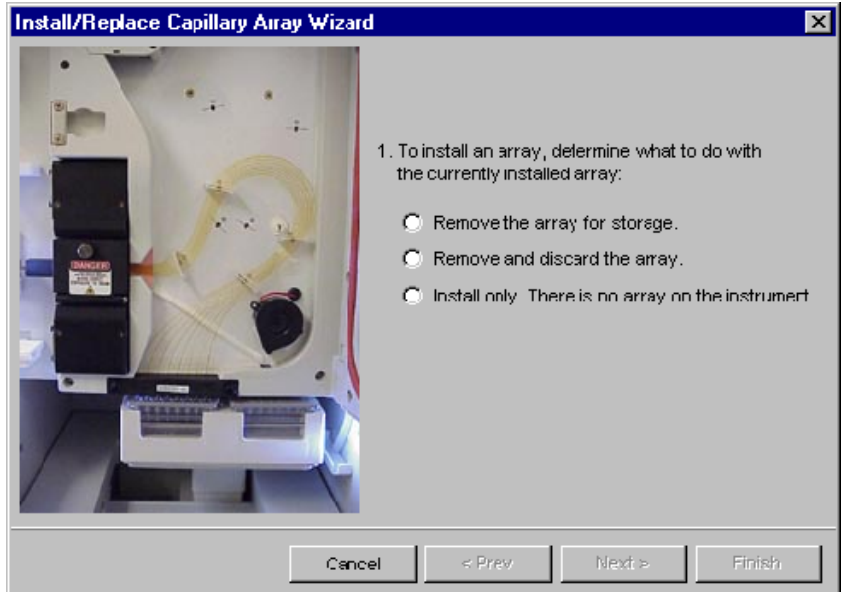
Die folgenden Probleme können darauf hinweisen, dass ein neues Kapillaren-Array erforderlich ist:

- ♦ Schlechte Auflösung und/oder verringerte Signalstärke.

Installation oder Ausbau des Kapillaren-Arrays mit Hilfe des Wizard (Assistenten)

⚠ VORSICHT CHEMISCHE GEFÄHRDUNG. POP kann Augen, Haut und Atemwege reizen. Bitte das Sicherheitsdatenblatt einsehen und die Handhabungsanweisungen befolgen. Entsprechende Schutzbrille, Schutzkleidung und Schutzhandschuhe tragen. Nur zu Forschungs- und Entwicklungszwecken einsetzen.

Zum Austauschen eines Kapillaren-Arrays bzw. Installieren eines Kapillaren-Arrays an einem Gerät folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Schließen Sie die Heizungs- und Gerätetüren und drücken Sie anschließend die Taste Tray (Tablett).
2	Wählen Sie aus dem Menü Tools (Utensilien) die Option Install Capillary Array Wizard (Kapillaren-Array-Installations-Assistent)  Damit wird der Wizard (Assistent) aufgerufen. 

Zum Austauschen eines Kapillaren-Arrays bzw. Installieren eines Kapillaren-Arrays an einem Gerät folgendermaßen vorgehen: *(Fortsetzung)*

Schritt	Maßnahme
3	Befolgen Sie zum Auswechseln bzw. Installieren eines Arrays die Anweisungen des Wizards (Assistenten).
4	Fahren Sie fort mit „Pufferwechsel“ im Folgenden.

Pufferwechsel Nach der Installation eines neuen Kapillaren-Arrays muss der Puffer ausgewechselt werden. Danach sind der Puffer und das Wasser der Reservoirs alle 12-Laufstunden auszuwechseln.

Anweisungen enthält „Überprüfen und Auffüllen von Lösungen“ auf Seite 2-10.

Aufbewahrung der Kapillaren-Arrays

Aufbewahrung außerhalb des Geräts Das Kapillaren-Array ist dann außerhalb des Geräts aufzubewahren, wenn es voraussichtlich länger als 1 Woche lang nicht benutzt wird.

Vor dem Verwahren eines Kapillaren-Arrays über einen längeren Zeitraum hinweg sollten die Kapillaren mit frischem Polymer gefüllt werden.

Aufbewahrung des Kapillaren-Arrays außerhalb des Gerät **WICHTIG** Falls das Kapillaren-Array wieder verwendet werden soll, die Kapillaren nicht austrocknen lassen. Das Kapillaren-Array so aufbewahren, dass beide Enden in 1X-Laufpuffer getaucht sind.

Zum Aufbewahren des Kapillaren-Arrays außerhalb des Geräts folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Füllen Sie das Kapillaren-Array mit Hilfe des Wizards (Assistenten) Change Polymer (Polymerwechsel) mit frischem Polymer.
2	Entfernen Sie den Spritzenschutz.
3	Entfernen Sie beide Spritzen aus dem oberen Polymerblock und entsorgen Sie das restliche Polymer.
4	Waschen Sie die Spritzen.
5	Entfernen Sie das Kapillaren-Array mit Hilfe des Wizards (Assistenten) Install/Replace Capillary Array (Kapillaren-Array-Installation/Wechsel) aus dem Gerät. Anweisungen enthält „Installation und Ausbau des Kapillaren-Arrays“ auf Seite 5-13.
6	Bringen Sie die Abdeckung der Detektionszelle wieder an.
7	Füllen Sie ein Pufferreservoir mit 1X-Laufpuffer und decken Sie es mit einem Septumstreifen ab. Tauchen Sie die Kapillarenspitzen in den Puffer.
8	Füllen Sie ein konisches 1,5-mL-Röhrchen mit deionisiertem Wasser und führen Sie das Detektionsende des Kapillaren-Arrays ein.
9	Umwickeln Sie das Röhrchen mit Laborfolie (wie z.B. Parafilm), um Verdunstung zu verhüten.
10	Bewahren Sie das Kapillaren-Array senkrecht auf.
11	Überprüfen Sie den Füllstand des 1X-Laufpuffers in Reservoir und Röhrchen wöchentlich.

Stilllegen des Geräts

Wahl des geeigneten Stilllegungsverfahrens

Zur Wahl des geeigneten Stilllegungsverfahrens Folgendes beachten:

Bei Stilllegen des Geräts für...	Folgendes Stilllegungsverfahren anwenden...
maximal 1 Woche, bei vollem Pufferreservoir	Kurzfristige Stilllegung WICHTIG Das wichtigste Element einer kurzfristigen Stilllegung ist die Pufferbenetzung der Spitzen des Kapillaren-Arrays. Dies verhindert das Austrocknen des Polymers in den Kapillaren.
länger als 1 Woche	Langfristige Stilllegung

Durchführung einer kurzfristigen Stilllegung

Zum Durchführen einer kurzfristigen Stilllegung folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Füllen Sie die Kapillaren unter Einsatz manueller Steuerbefehle mit frischem Polymer.
2	Drücken Sie die Taste Tray (Tablett), um den Autosampler vorwärts zu bewegen.
3	Füllen Sie das Pufferreservoir mit 1X-Laufpuffer bis dicht unterhalb des oberen Reservoirabschlusses.
4	Befestigen Sie ein Septum sicher auf dem Reservoir und platzieren Sie das Reservoir in Position 1 auf dem Autosampler.
5	Drücken Sie bei offenen Gerätetüren die Taste Tray (Tablett).
6	Schließen Sie die Gerätetüren. Der Autosampler bewegt sich zu Position 1, wobei die Kapillarensitzen im Pufferreservoir verbleiben.
7	Schalten Sie erst den Computer aus und anschließend das Gerät.

Durchführung einer langfristigen Stilllegung

Zum Durchführen einer langfristigen Stilllegung folgendermaßen vorgehen:

Schritt	Maßnahme
1	Führen Sie das auf Seite 5-14 beschriebene Verfahren zum Ausbauen und Aufbewahren des Kapillaren-Arrays außerhalb des Geräts durch.
2	Entfernen Sie Folgendes aus dem Gerät: ♦ die Spritzen des oberen Polymerblocks. Anweisungen enthält Seite 5-7. ♦ den oberen Polymerblock. Anweisungen enthält Seite 5-9. ♦ den unteren Polymerblock. Anweisungen enthält Seite 5-9.
3	Entfernen Sie Folgendes aus dem Autosampler: ♦ die Platteneinheiten ♦ die Reservoirs
4	Wischen Sie den Autosampler und die Auffangschalen mit einem fusselfreien Tuch sauber, das mit Wasser angefeuchtet wurde.
5	Schließen Sie die Gerätetüren.
6	Schalten Sie den Computer aus und anschließend das Gerät.
7	Waschen Sie die Spritzen, Polymerblöcke und Reservoirs mit warmem Wasser. Spülen Sie mit deionisiertem Wasser.

Index

1X-Laufpuffer, Herstellung für einen Einzellauf 2-11

A

Abfallsicherheit 1-8

Abwärts-Füll-Befehl 2-18

Analysemodul

Anzeigen und Bearbeitung 2-28

Wahl 2-19

Analysieren von Daten. *Siehe* Datenanalyse

Anfordern von Unterlagen (Documents on Demand) 1-7

Anleitungen, 3100-Satz 1-2

Anzeigen von

Probendateien in der Sequenzanalyse-Software
3-6–3-10

Rohdaten (Farbe) in der Data Collection-Software
3-2–3-3

automatische Extraktion, Fehlschlagen 2-25

Autosampler

Platzierung von Platten 2-14

Reservoirpositionen 2-12

B

Befehl Display Run Data (Laufdaten anzeigen) 3-2

Befüllung 2-11

Benutzeroptionen 2-5

Bestellnummern

Anleitungen 1-2

Komponenten und Verbrauchsmaterialien. *Siehe*
Bedienungsanleitung.

BioLIMS-Projektfeld (im Plate Record) 2-18

C

Chemische Sicherheit 1-8

Computer

Überprüfen der verfügbaren Datenbankkapazität 5-6

Überprüfen des verfügbaren Festplattenspeichers 5-5

D

Data Collection-Software, Starten 2-3

Daten

Analysieren bzw. Re-Analysieren 3-11

Anzeigen, analysiert 3-5

Anzeigen, roh 3-2

Extraktion 2-25

Datenanalyse, Sequenzanalyse-Software 3-11–3-13

Datenbankkapazität verfügbar, Überprüfen 5-6

Detektionszelle, Reinigung 5-12

Drucken von Probendateien 3-10

E

E-Mail, Adresse für technische Unterstützung 1-3

EPT-Daten, Anzeigen in der Sequenzanalyse-Software
3-9

F

Factura

Anzeigeoptionen 3-9

Factura-

Analyse, Anwendung 3-12

Fenster Sample Manager (Probenverwaltung) 3-6

Hinzufügen von Dateien 3-6–3-7

Festplattenspeicherplatz, Überprüfen 5-5

Filterset, Wahl 2-17

G

gelbe Kapillare im Fenster Array View (Array-Anzeige)
4-11

Gerät

Betrieb 2-24

Stilllegen 5-15

H

Hilfestellung *Siehe* technische Unterstützung. 1-3

Hinzufügen von Dateien zum Sample Manager
(Probenverwaltung) 3-6–3-7

I

Internet-Adresse

Anfordern von Unterlagen (Documents on
Demand) 1-7

K

Kapillaren-Array, Installation, Ausbau, Aufbewahrung
5-12–5-14

Kundenunterstützung *Siehe* technische Unterstützung.
1-3

L

Laser-Warnhinweis 1-13

Lauf

Auslassen, Unterbrechen, Stoppen 2-25

Starten 2-24

Überwachen 2-24

Laufmodul

Anzeigen, Bearbeiten und Erstellen 2-26

Wahl 2-18

Luftblasen, Beseitigung aus dem oberen Polymerblock 5-4

M

Matrix-Standards, Vorbereitung 4-6
MSDS, Bestellinformationen 1-10

O

oberer Polymerblock, Beseitigung von Luftblasen 5-4
OrbixWeb, Starten 2-3

P

Plate Record
Erstellen 2-15–2-20
Erstellung für die Spectral-Kalibrierung 4-9
Verknüpfung von Platten 2-21
Platteneinheit, Platzierung auf dem Autosampler 2-14
Polymer, Zugabe bzw. Wechsel 2-10, 5-11
Polymerblöcke
Ausbau aus dem Gerät 5-9
Beseitigung von Luftblasen 5-4
Reinigung 5-10
Probendateien
Anzeigen 3-6
Anzeigen in der Sequenzanalyse-Software 3-10
Drucken 3-10
Maximallänge für 2-16
Probenfensterdarstellungen (Sequenzanalyse),
Erläuterung 3-9
Probenvorbereitung
Methodenleitfaden für die Sequenzierung 1-2
Puffer, Herstellung für einen Einzellauf 2-11

R

Register Plate View (Platten-Anzeige) 2-15, 2-21
Reservoirs
Befüllen 2-10–2-13
Positionen auf dem Autosampler 2-12
Rohdaten (Farbe), Anzeigen in der Data Collection-
Software 3-2–3-3

S

Schaltfläche Pause (Unterbrechen) 2-25
Schaltfläche Skip to Next Run (Auslassen – weiter mit
nächstem Lauf) 2-25
Schaltfläche Stop (Stoppen) 2-25
Seite Array View (Array-Anzeige) 3-3
Dialogfeld „Select the run to display“ (Anzuzeigenden Lauf
wählen) 3-2
Sequenzanalyse-Software
Anzeigen von Daten 3-5
Bedienungsanleitung 1-2
Erläuterung der Probenfensterdarstellungen 3-9
Verzeichnispfad für SeqA.exe 2-28, 3-6
Sicherheit –
Anleitung 1-8–1-13
Sicherheits-
handbuch 1-2
Software-Benutzeroptionen 2-5
Spatial-Kalibrierung, Anleitung 4-2–4-5

Spectral-Kalibrierung, Anleitung 4-6–4-13
Spritzen, Handhabung 5-7
Stromschlag-Warnhinweise 1-13

T

Technische Unterstützung 1-3–1-7
E-Mail-Adresse 1-3
Internet-Adresse 1-6
Regionale Verkaufsvertretungen 1-5–1-6
Rufnummer/Faxnummer (Nordamerika) 1-3
Telefon/Fax (außerhalb Nordamerikas) 1-5

V

Verknüpfung von Platten 2-21

W

Wartung, Anleitung 5-2–5-15
Wasser- und Kathodenpufferreservoirs, Befüllen
2-10–2-13
WWW-Adresse
Anfordern von Unterlagen (Documents on
Demand) 1-7
Applied Biosystems 1-6

Hauptsitz

850 Lincoln Centre Drive
Foster City, CA 94404 USA
Tel.: +1 650.638.5800
Gebührenfrei (in USA): +1 800.345.5224
Fax: +1 650.638.5884

Weltweite Verkaufsbüros

Das ausgedehnte Vertriebs- und Service-Netzwerk von Applied Biosystems, mit seinem hoch qualifizierten Unterstützungs- und Anwendungspersonal, erstreckt sich über 150 Länder auf sechs Kontinenten. Die Adressen der internationalen Vertretungen erfahren Sie von Ihrer örtlichen Vertretung bzw. auf unserer Website: www.appliedbiosystems.com.

www.appliedbiosystems.com



Applera Corporation ist bestrebt, den in der Bioforschung tätigen Wissenschaftlern erstklassige Technologie und Informationen zu bieten. Applera Corporation umfasst die Unternehmen Applied Biosystems und Celera Genomics.

Printed in USA, 02/2001

an **Applera** business